JP00/6913

日 本 国 特 許 庁
PATENT OFFICE
JAPANESE GOVERNMENT

別紙添付の書類に記載されている事項は下記の出願書類に記載されている事項と同一であることを証明する。

This is to certify that the annexed is a true copy of the following application as filed with this Office.

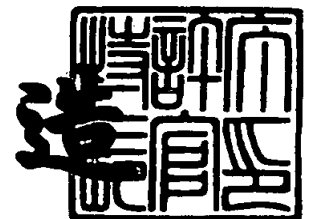|	
出 願 年 月 日 Date of Application:	1999年11月 1日
出 願 番 号 Application Number:	平成11年特許願第311147号
出 願 人 Applicant (s):	味の素株式会社

REC'D 0 8 DEC 2000

4

PRIORITY
DOCUMENT
SUBMITTED OR TRANSMITTED IN
COMPLIANCE WITH RULE 17.1(a) OR (b)

2000年11月10日

特許庁長官
Commissioner,
Patent Office

及川耕造

出証番号 出証特2000-3093613

【書類名】	特許願
【整理番号】	P-6910
【提出日】	平成11年11月 1日
【あて先】	特許庁長官殿
【国際特許分類】	C12N 15/00
【発明の名称】	高温耐性コリネ型細菌の耐熱性アミノ酸生合成系酵素遺伝子
【請求項の数】	14

【発明者】

　　【住所又は居所】　神奈川県川崎市川崎区鈴木町１－１味の素株式会社発酵技術研究所内

　　【氏名】　平野　聖子

【発明者】

　　【住所又は居所】　神奈川県川崎市川崎区鈴木町１－１味の素株式会社発酵技術研究所内

　　【氏名】　野中　源

【発明者】

　　【住所又は居所】　神奈川県川崎市川崎区鈴木町１－１味の素株式会社発酵技術研究所内

　　【氏名】　秋好　直樹

【発明者】

　　【住所又は居所】　神奈川県川崎市川崎区鈴木町１－１味の素株式会社発酵技術研究所内

　　【氏名】　木村　英一郎

【発明者】

　　【住所又は居所】　神奈川県川崎市川崎区鈴木町１－１味の素株式会社発酵技術研究所内

　　【氏名】　河原　義雄

【発明者】

　　　【住所又は居所】　　　神奈川県川崎市川崎区鈴木町１－１味の素株式会社発酵

　　　　　　　　　　　　　　技術研究所内

　　　【氏名】　　　　　　　杉本　愼一

【特許出願人】

　　　【識別番号】　　　　　000000066

　　　【氏名又は名称】　　　味の素株式会社

【代理人】

　　　【識別番号】　　　　　100089244

　　　【弁理士】

　　　【氏名又は名称】　　　遠山　勉

【選任した代理人】

　　　【識別番号】　　　　　100090516

　　　【弁理士】

　　　【氏名又は名称】　　　松倉　秀実

【選任した代理人】

　　　【識別番号】　　　　　100100549

　　　【弁理士】

　　　【氏名又は名称】　　　川口　嘉之

　　　【連絡先】　　　　　　０３－３６６９－６５７１

【手数料の表示】

　　　【予納台帳番号】　　　012092

　　　【納付金額】　　　　　　21,000円

【提出物件の目録】

　　　【物件名】　　　　　　明細書　　1

　　　【物件名】　　　　　　要約書　　1

【プルーフの要否】　　　　　要

【書類名】　　　　　　　明細書

【発明の名称】　　　高温耐性コリネ型細菌の耐熱性アミノ酸生合成系酵素遺伝子

【特許請求の範囲】

　　　【請求項１】　　配列番号２に記載のアミノ酸配列を有するタンパク質、又は、同アミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸の置換、欠失、挿入、付加、又は逆位を含むアミノ酸配列からなり、かつ、イソシトレートリアーゼ活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ。

　　　【請求項２】　　配列番号４に記載のアミノ酸配列を有するタンパク質、又は、同アミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸の置換、欠失、挿入、付加、又は逆位を含むアミノ酸配列からなり、かつ、アシルＣｏ－Ａカルボキシラーゼ活性に関与するタンパク質をコードするＤＮＡ。

　　　【請求項３】　　配列番号６に記載のアミノ酸配列を有するタンパク質、又は、同アミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸の置換、欠失、挿入、付加、又は逆位を含むアミノ酸配列からなり、かつ、ＤｔｓＲ活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ。

　　　【請求項４】　　配列番号８に記載のアミノ酸配列を有するタンパク質、又は、同アミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸の置換、欠失、挿入、付加、又は逆位を含むアミノ酸配列からなり、かつ、ＤｔｓＲ活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ。

　　　【請求項５】　　配列番号１０に記載のアミノ酸配列を有するタンパク質、又は、同アミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸の置換、欠失、挿入、付加、又は逆位を含むアミノ酸配列からなり、かつ、ホスホフルクトキナーゼ活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ。

　　　【請求項６】　　配列番号１２又は１４に記載のアミノ酸配列、又は、前記アミノ酸配列のいずれかにおいて、１若しくは数個のアミノ酸の置換、欠失、挿入、付加、又は逆位を含むアミノ酸配列を含み、かつ、インベルターゼ活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ。

　　　【請求項７】　　配列番号１７～２０に記載のアミノ酸配列のいずれかを有するタンパク質、又は、前記アミノ酸配列のいずれかにおいて、１若しくは数個の

アミノ酸の置換、欠失、挿入、付加、又は逆位を含むアミノ酸配列からなり、かつ、グルタミン酸の取り込みに関与する機能を有するタンパク質、をコードするＤＮＡ。

【請求項８】　配列番号２２に記載のアミノ酸配列を有するタンパク質、又は、同アミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸の置換、欠失、挿入、付加、又は逆位を含むアミノ酸配列からなり、かつ、ピルビン酸デヒドロゲナーゼ活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ。

【請求項９】　配列番号２４に記載のアミノ酸配列を有するタンパク質、又は、同アミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸の置換、欠失、挿入、付加、又は逆位を含むアミノ酸配列からなり、かつ、ピルビン酸カルボキシラーゼ活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ。

【請求項１０】　配列番号２６に記載のアミノ酸配列を有するタンパク質、又は、同アミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸の置換、欠失、挿入、付加、又は逆位を含むアミノ酸配列からなり、かつ、ホスホエノールピルビン酸カルボキシラーゼ活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ。

【請求項１１】　配列番号２８に記載のアミノ酸配列を有するタンパク質、又は、同アミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸の置換、欠失、挿入、付加、又は逆位を含むアミノ酸配列からなり、かつ、アコニターゼ活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ。

【請求項１２】　配列番号３０に記載のアミノ酸配列を有するタンパク質、又は、同アミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸の置換、欠失、挿入、付加、又は逆位を含むアミノ酸配列からなり、かつ、イソクエン酸デヒドロゲナーゼ活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ。

【請求項１３】　配列番号３２に記載のアミノ酸配列を有するタンパク質、又は、同アミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸の置換、欠失、挿入、付加、又は逆位を含むアミノ酸配列からなり、かつ、ジヒドロリポアミドデヒドロゲナーゼ活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ。

【請求項１４】　配列番号３４に記載のアミノ酸配列を有するタンパク質、又は、同アミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸の置換、欠失、挿入

、付加、又は逆位を含むアミノ酸配列からなり、かつ、２−オキソグルタル酸デヒドロゲナーゼ活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ。

【発明の詳細な説明】

【０００１】

【発明の属する技術分野】

本発明は、高温耐性コリネ型細菌であるコリネバクテリウム・サーモアミノゲネスの耐熱性酵素遺伝子、特にＬ−グルタミン酸等のＬ−アミノ酸生合成系酵素及び取り込み系遺伝子に関する。

【０００２】

【従来の技術】

現在、Ｌ−グルタミン酸等のＬ−アミノ酸の製造は、コリネ型細菌による発酵生産が主流となっている。アミノ酸の発酵生産は、生産能に優れた菌株の育種や発酵技術の開発によって、コストダウンが図られている。従来、コストダウン実現の方向性は、高収率化が主なものであるが、発酵におけるコストとしては、原料以外にも培養中に発生する発酵熱の冷却エネルギーを無視することはできない。すなわち、発酵に用いられている通常の微生物は、発酵中に自らが発生する発酵熱により培地の温度が上昇し、発酵に必要な酵素が失活したり生産菌が死滅したりするために、発酵中に培地を冷却することが必要となっている。したがって、冷却費用を低減するために、高温での発酵に関する検討が古くから行われている。また、高温で発酵を行うことが可能となれば、反応速度を向上させることができる可能性もある。しかし、これまでのところ、Ｌ−アミノ酸発酵において、有効な高温培養は実現していない。

【０００３】

コリネバクテリウム・サーモアミノゲネス (Corynebacterium thermoaminogenes) は、Ｌ−アミノ酸の発酵に汎用されているコリネバクテリウム・グルタミカム (Ｃrynebacterium glutamicum) (ブレビバクテリウム・ラクトファーメンタム (Brevibacterium lactofermentum)) 等と同様にコリネ型細菌に分類される細菌であるが、生育至適温度はコリネバクテリウム・グルタミカムの30〜35℃に対して37〜43℃と高く、Ｌ−グルタミン酸生成の至適温度も42〜45℃とかなり高

温側にシフトしている（特開昭６３－２４０７７９号）。

【０００４】

　ところで、コリネバクテリウム属またはブレビバクテリウム属細菌において、エシェリヒア・コリ又はコリネバクテリウム・グルタミクム由来のＬ－アミノ酸合成系酵素をコードする遺伝子を導入することにより、同Ｌ－アミノ酸の生産能を増強する技術が開発されている。例えば、このような酵素として、例えば、Ｌ－グルタミン酸生合成系酵素であるクエン酸シンターゼ（特公平7-121228号）、グルタミン酸デヒドロゲナーゼ（特開昭61-268185号）、イソクエン酸デヒドロゲナーゼ、アコニット酸ヒドラターゼ遺伝子（特開昭63-214189号）等がある。

【０００５】

　しかし、高温耐性のコリネ型細菌由来のＬ－アミノ酸生合成酵素及びそれらをコードする遺伝子は報告されていない。

【０００６】

　【発明が解決しようとする課題】

　本発明は、コリネバクテリウム・サーモアミノゲネス由来の酵素、好ましくはコリネバクテリウム・グルタミカムよりも高い温度で機能する酵素をコードする遺伝子を提供することを課題とする。

【０００７】

　【課題を解決するための手段】

　本発明者は、上記課題を解決するために鋭意検討を行った結果、コリネバクテリウム・サーモアミノゲネスのアミノ酸生合成系酵素をコードする遺伝子、又はアミノ酸の細胞内への取り込みに関与するタンパク質をコードする遺伝子を単離することに成功し、本発明を完成するに至った。

　すなわち本発明は、以下のとおりである。

【０００８】

　（１）配列番号２に記載のアミノ酸配列を有するタンパク質、又は、同アミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸の置換、欠失、挿入、付加、又は逆位を含むアミノ酸配列からなり、かつ、イソシトレートリアーゼ活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ。

（２）配列番号４に記載のアミノ酸配列を有するタンパク質、又は、同アミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸の置換、欠失、挿入、付加、又は逆位を含むアミノ酸配列からなり、かつ、アシルＣｏ－Ａカルボキシラーゼ活性に関与するタンパク質をコードするＤＮＡ。

（３）配列番号６に記載のアミノ酸配列を有するタンパク質、又は、同アミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸の置換、欠失、挿入、付加、又は逆位を含むアミノ酸配列からなり、かつ、ＤｔｓＲ活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ。

【０００９】

（４）配列番号８に記載のアミノ酸配列を有するタンパク質、又は、同アミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸の置換、欠失、挿入、付加、又は逆位を含むアミノ酸配列からなり、かつ、ＤｔｓＲ活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ。

（５）配列番号１０に記載のアミノ酸配列を有するタンパク質、又は、同アミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸の置換、欠失、挿入、付加、又は逆位を含むアミノ酸配列からなり、かつ、ホスホフルクトキナーゼ活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ。

（６）配列番号１２又は１４に記載のアミノ酸配列、又は、前記アミノ酸配列のいずれかにおいて、１若しくは数個のアミノ酸の置換、欠失、挿入、付加、又は逆位を含むアミノ酸配列を含み、かつ、インベルターゼ活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ。

【００１０】

（７）配列番号１７～２０に記載のアミノ酸配列のいずれかを有するタンパク質、又は、前記アミノ酸配列のいずれかにおいて、１若しくは数個のアミノ酸の置換、欠失、挿入、付加、又は逆位を含むアミノ酸配列からなり、かつ、グルタミン酸の取り込みに関与する機能を有するタンパク質、をコードするＤＮＡ。

（８）配列番号２２に記載のアミノ酸配列を有するタンパク質、又は、同アミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸の置換、欠失、挿入、付加、又は逆位を含むアミノ酸配列からなり、かつ、ピルビン酸デヒドロゲナーゼ活性を有す

るタンパク質をコードするＤＮＡ。

（９）配列番号２４に記載のアミノ酸配列を有するタンパク質、又は、同アミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸の置換、欠失、挿入、付加、又は逆位を含むアミノ酸配列からなり、かつ、ピルビン酸カルボキシラーゼ活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ。

【００１１】

（１０）配列番号２６に記載のアミノ酸配列を有するタンパク質、又は、同アミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸の置換、欠失、挿入、付加、又は逆位を含むアミノ酸配列からなり、かつ、ホスホエノールピルビン酸カルボキシラーゼ活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ。

（１１）配列番号２８に記載のアミノ酸配列を有するタンパク質、又は、同アミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸の置換、欠失、挿入、付加、又は逆位を含むアミノ酸配列からなり、かつ、アコニターゼ活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ。

（１２）配列番号３０に記載のアミノ酸配列を有するタンパク質、又は、同アミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸の置換、欠失、挿入、付加、又は逆位を含むアミノ酸配列からなり、かつ、イソクエン酸デヒドロゲナーゼ活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ。

【００１２】

（１３）配列番号３２に記載のアミノ酸配列を有するタンパク質、又は、同アミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸の置換、欠失、挿入、付加、又は逆位を含むアミノ酸配列からなり、かつ、ジヒドロリポアミドデヒドロゲナーゼ活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ。

（１４）配列番号３４に記載のアミノ酸配列を有するタンパク質、又は、同アミノ酸配列において、１若しくは数個のアミノ酸の置換、欠失、挿入、付加、又は逆位を含むアミノ酸配列からなり、かつ、２−オキソグルタル酸デヒドロゲナーゼ活性を有するタンパク質をコードするＤＮＡ。

【００１３】

以下、上記の各ＤＮＡのいずれか、又はこれらを総称して、本発明のＤＮＡと

いうことがある。

【００１４】

　　　【発明の実施の形態】

以下、本発明を詳細に説明する。

　本発明のＤＮＡの塩基配列及び遺伝子名、並びに本発明のＤＮＡがコードする

タンパク質を以下に示す。

【００１５】

【表１】

表１

塩基配列	遺伝子名	コードされるタンパク質
配列番号１	aceA	イソシトレートリアーゼ
配列番号３	accBC	アシルCo-AカルボキシラーゼBCサブユニット
配列番号５	dtsR1	ＤＴＳＲ１蛋白質
配列番号７	dtsR2	ＤＴＳＲ２蛋白質
配列番号９	pfk	ホスホフルクトキナーゼ
配列番号11, 13, 15	scrB	インベルターゼ
配列番号16	gluABCD	グルタミン酸取り込み系
配列番号21	pdhA	ピルビン酸デヒドロゲナーゼ
配列番号23	pc	ピルビン酸カルボキシラーゼ
配列番号25	ppc	ホスホエノールピルビン酸カルボキシラーゼ
配列番号27	acn	アコニターゼ
配列番号29	icd	イソクエン酸デヒドロゲナーゼ
配列番号31	lpd	ジヒドロリポアミドデヒドロゲナーゼ
配列番号33	odhA	２－オキソグルタル酸デヒドロゲナーゼ

【００１６】

　尚、配列番号３、２３、２５、3-1及び3-3におけるオープン・リーディング

・フレーム（ＯＲＦ）、及び配列番号１６の４番目のＯＲＦはいずれもGTGから

始まっている。配列表にはこのGTGによりコードされるアミノ酸はバリンとして

記載されているが、メチオニンである可能性がある。

【００１７】

7　　　　　　　　　　　　　　　出証特２０００－３０９３６１３

　また、配列番号16は４つのＯＲＦを含み、５'側から順にgluA、gluB、gluC及びgluDに対応する。

　上記の各ＤＮＡは、コリネバクテリウム・サーモアミノゲネスAJ12310株（FERM BP-1542）の染色体ＤＮＡから単離されたものである。但し、AJ12310株は、インベルターゼ活性及びシュークロース資化性を持たず、同株から単離したscrB遺伝子断片には、オープンリーディングフレームが存在しなかったため、配列番号１１及び１３に示すＤＮＡは、インベルターゼ活性及びシュークロース資化性を有するコリネバクテリウム・サーモアミノゲネスAJ12340株（FERM BP-1539）及びAJ12309株（FERM BP-1541）からそれぞれ単離されたものである。

【０１８】

　尚、配列番号１１、１３及び１５に示す塩基配列は、scrBの部分配列であって、配列番号１１及び１３は配列番号１２及び１４に示すインベルターゼの部分アミノ酸配列をコードしている。

【００１９】

　目的とする遺伝子の部分断片を含むＤＮＡは、すでに報告されているブレビバクテリウム・ラクトファーメンタム等の種々の微生物の目的とする遺伝子の塩基配列の比較を行い、塩基配列がよく保存されている領域を選択し、その領域の塩基配列に基づいて設計したプライマーを用い、コリネバクテリウム・サーモアミノゲネスの染色体ＤＮＡを鋳型とするＰＣＲを行うことによって、取得することができる。得られたＤＮＡ断片又はその配列に基づいて作製したプローブを用いたハイブリダイゼーションにより、コリネバクテリウム・サーモアミノゲネスの染色体ＤＮＡライブラリーをスクリーニングすることによって、目的とする遺伝子全長を含むＤＮＡ断片を得ることができる。また、得られた遺伝子の部分断片を用いてゲノムウォーキングを行うことによっても、目的とする遺伝子全長を含むＤＮＡ断片を得ることができる。ゲノムウォーキングと、市販のキット、例えばTaKaRa LA PCR in vitro Cloning Kit（宝酒造（株）製）を用いて行うことができる。

【００２０】

　また、本発明により、各遺伝子の塩基配列が明らかとなったので、それらの塩

基配列に基づいて作製したプライマーを用いたＰＣＲによって、コリネバクテリウム・サーモアミノゲネスの染色体ＤＮＡ又は染色体ＤＮＡライブラリーから取得することもできる。

【００２１】

染色体ＤＮＡの調製、染色体ＤＮＡライブラリーの作製、ハイブリダイゼーション、ＰＣＲ、プラスミドＤＮＡの調製、ＤＮＡの切断及び連結、形質転換等の方法は、Sambrook,J.,Fritsch,E.F.,Maniatis,T.,Molecular Cloning, Cold Spring Harbor Laboratory Press,1.21(1989)に記載されている。

【００２２】

次に、本発明のＤＮＡを取得する具体的な方法を例示する。

まず、コリネバクテリウム・サーモアミノゲネスの染色体ＤＮＡを、適当な制限酵素、例えばSau3AIで消化し、アガロースゲル電気泳動により分画して約４〜６kbのDNAフラグメントを取得する。得られたＤＮＡフラグメントをpHSG399等のクローニングベクターに挿入し、得られた組換えプラスミドでエシェリヒア・コリを形質転換して、染色体ＤＮＡのプラスミドライブラリーを作製する。

【００２３】

一方、プラスミドライブラリーから目的の遺伝子を含むクローンをＰＣＲにより選択するために用いるプライマーを作製する。このプライマーは、目的とする遺伝子に対応する種々の微生物の既知の遺伝子配列の間でアミノ酸レベルで保存されている領域に基づいて設計する。その際、コリネ型細菌のコドンユーセージを考慮してプライマーを複数組づつ設計する。

【００２４】

次に、作製されたプライマーの適正を調べるために、これらのプライマーを用いて、コリネバクテリウム・サーモアミノゲネスの染色体ＤＮＡを鋳型としてＰＣＲを行う。そして、増幅断片が得られたプライマーをスクリーニング用プライマーとして用い、プラスミドライブラリーから調製した組換えプラスミドを鋳型としてＰＣＲを行い、目的とするＤＮＡ断片を含むクローンを選択する。この操作は、一次スクリーニングとして形質転換体数十株を含むバッチ毎に行い、二次スクリーニングとして増幅断片が得られたバッチについてコロニーＰＣＲを行う

ことにより、迅速に行うことができる。尚、増幅された遺伝子の断片長は、表２
～７に記載した。

【００２５】

　上記のようにして選択された形質転換体から組換えＤＮＡを調製し、挿入断片
の塩基配列をダイ・デオキシ・ターミネーション法等により決定し、塩基配列を
既知の遺伝子配列と比較することによって、目的の遺伝子を含むことを確認する
。

【００２６】

　得られたＤＮＡ断片が、目的とする遺伝子の一部を含んでいる場合には、ゲノ
ムウォーキングにより欠失部分を取得する。

　本発明のＤＮＡは、コードされるタンパク質が本来の機能を有する限り、１若
しくは複数の位置での１若しくは数個のアミノ酸の置換、欠失、挿入、付加、又
は逆位を含むタンパク質をコードするものであってもよい。ここで、「数個」と
は、アミノ酸残基のタンパク質の立体構造における位置や種類によっても異なる
が、一般的に、それぞれのタンパク質のアミノ酸配列全体に対し、３０から４０
％以上、好ましくは５５～６５％以上の相同性を有することが好ましい。具体的
には、前記「数個」は、２～数百個、好ましくは、２～数十個、より好ましくは
２～１０個である。

【００２７】

　上記のような本来のタンパク質と実質的に同一のタンパク質をコードするＤＮ
Ａは、例えば部位特異的変異法によって、特定の部位のアミノ酸残基が置換、欠
失、挿入、付加、又は逆位を含むように、それぞれのタンパク質をコードするＤ
ＮＡの塩基配列を改変することによって得られる。また、上記のような改変され
たＤＮＡは、従来知られている変異処理によっても取得され得る。変異処理とし
ては、目的の遺伝子をコードするＤＮＡをヒドロキシルアミン等でインビトロ処
理する方法、及び目的の遺伝子をコードするＤＮＡを保持する微生物、例えばエ
シェリヒア属細菌を、紫外線照射またはＮ－メチル－Ｎ’－ニトロ－Ｎ－ニトロソグ
アニジン（NTG）もしくは亜硝酸等の通常変異処理に用いられている変異剤によ
って処理する方法が挙げられる。

【０２８】

　また、上記のような塩基の置換、欠失、挿入、付加、又は逆位等には、コリネバクテリウム・サーモアミノゲネスの菌株の違い等に基づく場合などの天然に生じる変異（mutant又はvariant）も含まれる。

【００２９】

　変異を有するＤＮＡを、適当な細胞で発現させ、発現産物のタンパク質の活性又は機能を調べることにより、本来のタンパク質と実質的に同一のタンパク質をコードするＤＮＡが得られる。また、そのようなＤＮＡは、変異を有するタンパク質をコードするＤＮＡまたはこれを保持する細胞から、例えば表１に示す各配列番号の塩基配列を有するＤＮＡ又はその塩基配列から調製されるプローブとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、かつ、当該タンパク質が本来有する活性を示すタンパク質をコードするＤＮＡを単離することによっても得ることができる。

【００３０】

　上記プローブは、表１に示す各配列番号の塩基配列を有するＤＮＡ、又はそれらの塩基配列を有するＤＮＡから、適当なプライマーを用いてＰＣＲにより調製することができる。

【００３１】

　上記でいう「ストリンジェントな条件」とは、いわゆる特異的なハイブリッドが形成され、非特異的なハイブリッドが形成されない条件をいう。この条件を明確に数値化することは困難であるが、一例を示せば、相同性が高いＤＮＡ同士、例えば５０％以上の相同性を有するＤＮＡ同士がハイブリダイズし、それより相同性が低いＤＮＡ同士がハイブリダイズしない条件、あるいは通常のサザンハイブリダイゼーションの洗いの条件である６０℃、１×ＳＳＣ，０．１％ＳＤＳ、好ましくは、０．１×ＳＳＣ、０．１％ＳＤＳに相当する塩濃度でハイブリダイズする条件が挙げられる。

【００３２】

　このような条件でハイブリダイズする遺伝子の中には途中にストップコドンが発生したものや、活性中心の変異により活性を失ったものも含まれるが、それら

については、市販の活性発現ベクターにつなぎ、活性又は機能を調べることによって容易に取り除くことができる。

【００３３】

本発明のＤＮＡを、適当な宿主－ベクター系を用いて発現させることにより、それぞれのＤＮＡに対応したタンパク質を製造することができる。

遺伝子の発現に用いる宿主としては、ブレビバクテリウム・ラクトファーメンタム（コリネバクテリウム・グルタミカム）、コリネバクテリウム・サーモアミノゲネス等のコリネ型細菌、エシェリヒア・コリ、バチルス・ズブチリスをはじめとする種々の原核細胞、サッカロマイセス・セレビシエ（Saccharomyces cerevisiae）をはじめとする種々の真核細胞、動物細胞、植物細胞が挙げられるが、これらの中では原核細胞、特にコリネ型細菌及びエシェリヒア・コリが好ましい。

【００３４】

本発明のＤＮＡは、エシェリヒア・コリ及び／又はコリネ型細菌等の細胞内において自律複製可能なベクターＤＮＡに接続して組換えＤＮＡを調製し、これをエシェリヒア・コリ細胞に導入しておくと、後の操作がしやすくなる。エシェリヒア・コリ細胞内において自律複製可能なベクターとしては、プラスミドベクターが好ましく、宿主の細胞内で自立複製可能なものが好ましく、例えば pUC19、pUC18、pBR322、pHSG299、pHSG399、pHSG398、RSF1010等が挙げられる。

【００３５】

コリネ型細菌の細胞内において自律複製可能なベクターとしては、pAM330（特開昭58-67699号公報参照）、pHM1519（特開昭58-77895号公報参照）等が挙げられる。また、これらのベクターからコリネ型細菌中でプラスミドを自律複製可能にする能力を持つＤＮＡ断片を取り出し、前記エシェリヒア・コリ用のベクターに挿入すると、エシェリヒア・コリ及びコリネ型細菌の両方で自律複製可能ないわゆるシャトルベクターとして使用することができる。

【００３６】

このようなシャトルベクターとしては、以下のものが挙げられる。尚、それぞれのベクターを保持する微生物及び国際寄託機関の受託番号をかっこ内に示した

pAJ655　エシェリヒア・コリAJ11882(FERM BP-136)

　　　　　コリネバクテリウム・グルタミクムSR8201(ATCC39135)

pAJ1844　エシェリヒア・コリAJ11883(FERM BP-137)

　　　　　コリネバクテリウム・グルタミクムSR8202(ATCC39136)

pAJ611　エシェリヒア・コリAJ11884(FERM BP-138)

pAJ3148　コリネバクテリウム・グルタミクムSR8203(ATCC39137)

pAJ440　バチルス・ズブチリスAJ11901(FERM BP-140)

pHC4　　エシェリヒア・コリAJ12617(FERM BP-3532)

【００３７】

　本発明のＤＮＡとコリネ型細菌で機能するベクターを連結して組み換えＤＮＡ
を調製するには、本発明のＤＮＡの末端に合うような制限酵素でベクターを切断
する。連結は、Ｔ４ＤＮＡリガーゼ等のリガーゼを用いて行うのが普通である。

【００３８】

　上記のように調製した組み換えＤＮＡをコリネ型細菌等の宿主に導入するには
、これまでに報告されている形質転換法に従って行えばよい。例えば、エシェリ
ヒア・コリ　Ｋ−１２について報告されているような、受容菌細胞を塩化カルシ
ウムで処理してＤＮＡの透過性を増す方法（Mandel,M.and Higa,A.,J. Mol. Bio
l., 53, 159 (1970)）があり、バチルス・ズブチリスについて報告されているよ
うな、増殖段階の細胞からコンピテントセルを調製してＤＮＡを導入する方法（
Duncan,C.H.,Wilson,G.A.and Young,F.E., Gene, 1, 153 (1977)）がある。あ
るいは、バチルス・ズブチリス、放線菌類及び酵母について知られているような
、ＤＮＡ受容菌の細胞を、組換えＤＮＡを容易に取り込むプロトプラストまたは
スフェロプラストの状態にして組換えＤＮＡをＤＮＡ受容菌に導入する方法（ C
hang,S.and Choen,S.N.,Molec. Gen. Genet., 168, 111 (1979);Bibb,M.J.,Ward
,J.M.and Hopwo d,O.A.,Nature, 274, 398 (1978);Hinnen,A.,Hicks,J.B.and Fi
nk,G.R.,Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 75 1929 (1978)）も応用できる。コリネ
型細菌においては、電気パルス法（特開平２−２０７７９１号公報参照）が有効
である。

【0039】

　本発明のDNAに含まれる遺伝子の発現を効率的に実施するために、これらの遺伝子のコード領域の上流に、宿主細胞内で働くlac、trp、P_L等のプロモーターを連結してもよい。ベクターとして、プロモーターを含むベクターを用いると、各遺伝子と、ベクター及びプロモーターとの連結を一度に行うことができる。

【0040】

　上記のようにして製造されるタンパク質は、必要に応じて、菌体抽出液又は培地からイオン交換クロマトグラフィー、ゲル濾過クロマトグラフィー、吸着クロマトグラフィー、塩析、溶媒沈殿等、通常の酵素の精製法を用いて精製することができる。

【0041】

　本発明のDNAのうち、pfk、pdhA、pc、ppc、acn及びicdは、コリネ型細菌等のL－アミノ酸生産菌に導入することによって、L－アミノ酸生産能を高めることができる。また、本発明のDNAが導入されたコリネ型細菌は、通常よりも高い温度でのL－アミノ酸の生産が可能となることが期待される。L－アミノ酸としては、L－グルタミン酸、L－アスパラギン酸、L－リジン、L－アルギニン、L－プロリン及びL－グルタミン等が挙げられる。

【0042】

　また、dtsR1及びdtsR2は、コリネ型細菌に界面活性剤に対する耐性を付与する蛋白質（DTSR蛋白）をコードする遺伝子であり、これらの遺伝子が破壊されたコリネ型L－グルタミン酸生産菌は、野生株がほとんどL－グルタミン酸を生成しない量のビオチンが存在する条件においても著量のL－グルタミン酸を生成する。また、L－リジン生産能を有するコリネ型L－グルタミン酸生産菌は、dtsR1及びdtsR2遺伝子を増幅すると、著量のL－リジンを生産する能力が付与される（WO95/23224号国際公開パンフレット、特願平10-234371号公報）。

【0043】

　scrB遺伝子は、シュークロースを含む培地でコリネ型細菌を用いてL－アミノ酸を製造する場合に、同コリネ型細菌の育種に用いることができる。

コリネ型細菌等のＬ－グルタミン酸生産菌において、のaceA、accBC、lpd又はodhAを欠失させることにより、Ｌ－グルタミン酸生産性を高めることができる。また、gluABCDはＬ－グルタミン酸の取り込み系の遺伝子クラスターであり、コリネ型Ｌ－グルタミン酸生産菌において、gluA、gluB、gluCもしくはgluD、又はこれらの１種、２種、３種もしくは４種を欠失させることにより、培地に蓄積されるＬ－グルタミン酸量を増大させることができる。本発明のaceA、accBC、lpd、odhA及びgluABCDは、染色体上のこれらの遺伝子を破壊するのに用いることができる。

【００４４】

　　　【実施例】

　以下、本発明を実施例によりさらに具体的に説明する。

【００４５】

＜１＞コリネバクテリウム・サーモアミノゲネスのプラスミドライブラリーの作製

　コリネバクテリウム・サーモアミノゲネス AJ12310株を、CM2B液体培地（イーストエキストラクト（Difco社製）1g/dl、ポリペプトン（日本製薬製）1g/dl、NaCl 0.5g/dl、ビオチン 10μg/dl、pH 7.0（KOHで調整））で37℃にて15時間培養し、10mlの培養液から、染色体DNAを染色体DNA抽出キット（Bacterial Genome DNA Purification Kit（Advanced Genetic Technologies社製)を用いて取得した。取得したDNAを、制限酵素Sau3AIを用いて部分消化し、0.8%アガロースゲル電気泳動を行い、DNAを分画した後に、約4～6kbのDNAフラグメントをゲルから切り出し、DNAゲル抽出キット（GIBCO BRL社、Concert^{TMRa}pid Gel Extraction System）を用いて、目的サイズのDNA断片を取得した。

【００４６】

　プラスミドpHSG399（宝酒造（株）製）をBamHIで完全消化し、末端をアルカリフォスファターゼ（CIAP；宝酒造（株）製）を用いて脱リン酸化した。このベクター断片と、上記の染色体DNA断片を宝酒造社製DNAライゲーションキットを用いて連結し、得られた組換えベクターを用いてエシェリヒア・コリ JM109を形質転換した。形質転換体の選択は、30μg/mlのクロラムフェニコール、0.04mg/mlのI

PTG（イソプロピル−β−D−チオガラクトピラノシド）、0.04mg/mlのX-Gal（

５−ブロモ−４−クロロ−３−インドリル−β−D−ガラクトシド）を含むLB寒

天培地（寒天 1.5g/dlを含む）上にて行い、白色コロニーを約4000コロニー取得

した。

【００４７】

＜２＞各遺伝子断片増幅用プライマーの設定

上記で得られたプラスミドライブラリーから目的の遺伝子を含むクローンをP

C.Rにより選択するために用いるプライマーを設計した。目的とする遺伝子は前

記のとおりである。

【００４８】

プライマーは、コリネ型細菌の既知の遺伝子配列をベースとして、他の微生物

の相当する遺伝子との間でアミノ酸レベルで保存されている領域に基づいて設計

した。その際、コリネ型細菌のコドンユーセージを考慮してプライマーを複数組

づつ設計した。

【００４９】

作製されたプライマーの適正を調べるために、これらのプライマーを用いて、

コリネバクテリウム・サーモアミノゲネスAJ12310株の染色体DNAを鋳型とし

てPCRを行い、遺伝子断片を増幅した。その結果、いずれの遺伝子も、表２〜

表７の上段に示すプライマーを用い、各表中に「部分断片取得のPCR」として示

した条件及びポリメラーゼでPCRを行った場合に、増幅断片が認められた。各

プライマーの末尾のカッコ内の数字は、配列表中の配列番号を示す。これらのプ

ライマーを、後述のスクリーニング用プライマーとして用いた。

【００５０】

【表２】

表2

遺伝子名	aceA	accBC	dtsR1
5'→3' プライマー 3'→5' プライマー	CCTCTACCCAGCGAACTCCG ⟨35⟩ CTGCCTTGAACTCACGGTTC ⟨36⟩	CATCCACCCCGGCTACGGCT ⟨37⟩ CGGTGACTGGGTGTTCCACC ⟨38⟩	ACGGCCCAGCCCTGACCGAC ⟨39⟩ AGCAGCGCCCATGACGGCGA ⟨40⟩
部分断片取得のPCR 条件及び スクリーニングPCRの条件	94℃ 5min 98℃ 5sec 66℃ 2sec 30 cycle Z-Taq	94℃ 5min 98℃ 5sec 66℃ 2sec 30 cycle Z-Taq	94℃ 5min 98℃ 5sec 66℃ 2sec 30 cycle Z-Taq
コロニーPCRの条件	94℃ 7min 91℃ 30sec 55℃ 1sec 72℃ 2.5min 30 cycle Ex-Taq	94℃ 7min 91℃ 30sec 55℃ 1sec 72℃ 2.5min 30 cycle Ex-Taq	94℃ 7min 91℃ 30sec 55℃ 1sec 72℃ 2.5min 30 cycle Ex-Taq
増幅断片	824bp	673bp	805bp

【００５１】

【表3】

表3

遺伝子名	dtsR2	pfk	scrB
5'→3' プライマー 3'→5' プライマー	ACGGGCCCAGCCCTGACCGAC 〈41〉 AGCAGCGCCCATGACGGGCGA 〈42〉	CGTCATCCGAGGAATCGTCC 〈43〉 CGTGGCGGGCCCATGACCTCC 〈44〉	GGNCGHYTBAAYGAYCC 〈45〉 GGRCAYTCCCACATRTANCC 〈46〉
部分断片取得のPCR条件及びスクリーニングPCRの条件	94℃ 5min 98℃ 5sec 66℃ 2sec 30 cycle Z-Taq	94℃ 5min 98℃ 5sec 66℃ 2sec 30 cycle Z-Taq	94℃ 5min 98℃ 5sec 50℃ 10sec 72℃ 20sec 40 cycle Z-Taq
コロニーPCRの条件	94℃ 7min 91℃ 30sec 55℃ 1sec 72℃ 2.5min 30 cycle Ex-Taq	94℃ 7min 91℃ 30sec 55℃ 1sec 72℃ 2.5min 30 cycle Ex-Taq	94℃ 7min 91℃ 30sec 55℃ 1sec 72℃ 2.5min 30 cycle Ex-Taq
増幅断片	805bp	472bp	500bp

【0052】

【表４】

<p align="center">表4</p>

遺伝子名	gluABCD	pdhA
5'→3' プライマー 3'→5' プライマー	CCATCCGGATCCGGCAAGTC （47） AATCCCATCTCGTGGGTAAC （48）	ACTGTGTCCATGGGTCTTGGCCC （49） CGCTGGAATCCGAACATCGA　　（50）
部分断片 取得の PCR条件	94℃　　5min 98℃　　5sec 50℃　　10sec 72℃　　20sec 30 cycle 　　　　Z-Taq	94℃　　5min 98℃　　5sec 50℃　　10sec 72℃　　20sec 30 cycle 　　　　Z-Taq
増幅断片	500bp	1200bp
スクリーニングPCR コロニーPCR の条件	94℃　　5min 94℃　　30sec 50℃　　1min 72℃　　2min 30 cycle 　　　　EX-Taq	94℃　　5min 94℃　　30sec 50℃　　1min 72℃　　2min 30 cycle 　　　　EX-Taq

【００５３】

【表５】

表5

遺伝子名	pc	ppc
5'→3'プライマー 3'→5'プライマー	GGCGCAACCTACGACGTTGCAATGCG (51) TGGCCGCCTGGGATCTCGTG (52)	GGTTCCTGGATTGGTGGAGA (53) CCGCCATCCTTGTTGGAATC (54)

部分断片
取得の
PCR条件
	94℃, 5min
	
	98℃, 5sec
	55℃, 80sec 30 cycle
	        Z-Taq
		94℃ 5min
		
		98℃ 5sec
		50℃ 5sec
		72℃ 10sec 30 cycle
		        Z-Taq

増幅断片	781bp	1000bp

スクリーニグPCR
の条件
	94℃, 5min
	
	98℃, 5sec
	55℃, 80sec 30 cycle
	        Z-Taq
		94℃ 5min
		
		98℃ 5sec
		50℃ 5sec
		72℃ 10sec 30 cycle
		        Z-Taq

コロニーPCR
の条件
	94℃, 5min 1 cycle
	
	98℃, 5sec
	55℃, 80sec 50 cycle
	        Z-Taq
		94℃ 5min
		
		98℃ 5sec
		50℃ 10sec
		72℃ 20sec 50 cycle
		        Z-Taq

【０．０５４】

【表6】

表6

遺伝子名	acn	icd	lpd
5'→3' プライマー 3'→5' プライマー	GTIGGIACIGAYTCSCATAC (55) GCIGGAGAIATGTGRTCIGT (56)	GACATTTCACTCGCTGGACG (57) CCGTACTCTTCAGCCTTCTG (58)	ATCATCGCAACCGGTTC (59) CGTCACCGATGGCGTAAAT (60)
部分断片 取得の PCR条件	94℃ 1min 96℃ 20sec 45℃ 1min 68℃ 2min 30 cycle EX-Taq	94℃ 5min 98℃ 5sec 55℃ 80sec 30 cycle Z-Taq	94℃ 5min 98℃ 5sec 50℃ 10sec 72℃ 20sec 30 cycle Z-Taq
増幅断片	1500bp	1500bp	500bp
スクリーニングPCR コロニーPCR の条件	同 上	同 上	94℃ 5min 94℃ 30sec 57℃ 1min 72℃ 1min 30 cycle Ex-Taq
スクリーニングPCR 5'→3' プライマー 3'→5' プライマー			TACGAGGAGCAGATCCTCAA (63) TTGACGCCGGTGTTCTCCAG (64)
LAクローニング(N') 3'→5' プライマー	S1:GGTGAAGCTAAGTAGTTAGC (65) S2:AGCTACTAAACCTGCACC (66)	S1:CCGTACTCTTCAGCCTTCTG (67) S2:TCGTCCTTGTTCCACATC (68)	S1:ATCATCGCAACCGGTTC (69) S2:TACGAGGAGCAGATCCTCAA (70)
LAクローニング(C') 5'→3' プライマー	S1:GCTAACTACTIAGCTTCACC (71) S2:GAACCAGGAACTATTGAACC (72)	S1:TCCGATGTCATCATCGAC (73) S2:ATGTGGAACAAGGACGAC (74)	
制限酵素	PstI(N') HindIII(C')	SalI(N') PstI(C')	HindIII
LAクローニング の条件	N' 94℃ 1min 94℃ 30sec 57℃ 2min 72℃ 2min 30 cycle LA-Taq C' 94℃ 1min 94℃ 30sec 57℃ 2min 72℃ 2.5min 30 cycle LA-Taq	94℃ 1min 94℃ 30sec 57℃ 2min 72℃ 2.5min 30 cycle LA-Taq	94℃ 1min 94℃ 30sec 57℃ 2min 72℃ 1min 30 cycle LA-Taq

【００５５】

21

【表7】

表7

遺伝子名	odhA		
5'→3' プライマー 3'→5' プライマー	ACACCGTGGTCGCCTCAACG (61) TGCTAACCCGTCCCACCTGG (62)		
部分断片 取得の PCR条件	94℃　5min 98℃　5sec 66℃　2sec 30 cycle 　　　Z-Taq		
増幅断片	1306bp		
LAクローニング (N') 5'→3' プライマー	S1:GTACATATTGTCGTTAGAACGCGTAATACGACTCA (75) S2:CGTTAGAACGCGTAATACGACTCACTATAGGGAGA (76)		
制限酵素	XbaI		
LAクローニング の条件	1回目	94℃ 55℃ 72℃	30seC 2min 1min 30cycle LA-Taq
	2回目	94℃ 98℃ 68℃ 72℃	1min 20seC 15min 30 cycle 10min LA-Taq

＜3＞ＰＣＲによるプラスミドライブラリーのスクリーニング

　前記のプラスミドライブラリーから目的の遺伝子を含むクローンを、ＰＣＲに
より選択した。プラスミドライブラリーから、コロニーを６０個ずつピックアッ
プし、２枚づつのLB寒天培地プレートにレプリカした。各プレートのコロニー６
０個づつをまとめて、4mlのLB液体培地を含む試験管に接種し、15時間培養した
後、プロメガ社製プラスミドDNA抽出キットを用いてそれぞれプラスミドの混合
物を取得した。このプラスミド混合物を鋳型とし、各目的遺伝子毎に作製したス
クリーニング用プライマーを用いて、各表中に「スクリーニングPCRの条件」と
して示した条件でＰＣＲを行い、染色体ＤＮＡを鋳型とするＰＣＲと同じ大きさ

のDNA断片が増幅されるクローンを選択した。

【００５６】

増幅されたDNA断片は、パーキンエルマー社製ビッグダイ・ダイターミネータ
ーサイクルシークエンスキットを用いて塩基配列を決定し、既知の遺伝子情報と
の相同性を比較することにより、目的遺伝子の取得の成否を確認した。

【００５７】

尚、１ｐｄについては、＜２＞で作製したプライマーでは目的のＤＮＡ断片が
増幅されなかったので、決定された塩基配列に基づいて、スクリーニング用プラ
イマーを別途作製した。

【００５８】

＜４＞コロニーＰＣＲによる目的遺伝子保持クローンの選択

目的の遺伝子断片の増幅が確認されたプラスミド混合物が由来するプレートを
用いて、コロニーＰＣＲを行い、遺伝子断片を含むクローンを選択した。コロニ
ーＰＣＲは、表２〜７に示す条件で行った。

【００５９】

選択された形質転換体からプラスミドＤＮＡを回収し、挿入ＤＮＡ断片の塩基
配列を決定した。挿入ＤＮＡ断片に目的遺伝子の全長が挿入されておらず、遺伝
子の上流域、下流域またはこれらの両方が欠失している場合は、判明した塩基配
列を利用してプライマーを作製し、TaKaRa LA PCR in vitro Cloning Kit（宝酒
造（株））を用いて、目的遺伝子の全領域の遺伝子断片を取得し、塩基配列を決
定した。

【００６０】

LA PCRクローニングの概要は以下のとおりである。挿入ＤＮＡ断片のうち２つ
の領域の塩基配列を有する２種のプライマーを作製する。コリネバクテリウム・
サーモアミノゲネスAJ12310株の染色体ＤＮＡを各種制限酵素で切断し、各制限
酵素に対応したカセットプライマーと連結する。これを鋳型として、作製された
プライマーのうち欠失部分から遠い位置に対応するプライマー（Ｓ１）と、カセ
ットプライマーの外側の位置に対応するカセットプライマー（Ｃ１）を用いてＰ
ＣＲを行う。次に、作製されたプライマーのうち欠失部分に近い位置に対応する

プライマー（Ｓ２）と、カセットプライマーの内側の位置に対応するカセットプ
ライマー（Ｃ２）を用いてＰＣＲを行う。こうして、欠失部分を含むＤＮＡ断片
が得られる。得られたＤＮＡ断片と既に取得されいるＤＮＡ断片を連結すること
により、目的遺伝子全長を含むＤＮＡ断片を得ることができる。尚、カセットの
５’末端にはリン酸基が付いていないので、ＤＮＡ断片の３’末端とカセットの
５’末端との接続部位にはニックができる。そのため、１回目のＰＣＲではプラ
イマーＣ１からのＤＮＡ合成はこの接続部分でストップし、非特異的な増幅は起
こらないため、特異的な増幅を行うことができる。

【００６１】

　ＬＡ ＰＣＲクローニングに用いたプライマーと反応条件は、表２～７に示した。表
中「(N’)」は上流側の欠失部分のクローニングに用いたプライマーを、「(C’)」
は下流側の欠失部分のクローニングに用いたプライマーを、それぞれ示す。また
、ＰＣＲ反応はLA PCRクローニングキットの説明書に従い、２回行った。表に示
したプライマーのうち、上段には１回目の反応に用いたプライマー（Ｓ１）を、
下段には２回目の反応に用いたプライマー（Ｓ２）を示す。

【００６２】

　上記のようにして得られた各遺伝子を含むＤＮＡ断片の塩基配列を、前記と同
様にして決定した。それらの塩基配列及び同塩基配列がコードし得るアミノ酸配
列を、配列番号１～３４に示す。各配列番号に記載された配列は、下記のとおり
である。

【００６３】

　scrBについては、オープン・リーディング・フレームが見つからなかった。コ
リネバクテリウム・サーモアミノゲネス AJ12310株は、インベルターゼ活性を有
しておらず、シュークロース資化性を持たないため、シュークロース資化性を有
するコリネバクテリウム・サーモアミノゲネス YS-40株及びYS-155株から、同様
にしてscrB遺伝子断片を取得した。その結果、いずれの株からもオープン・リー
ディング・フレームを有するＤＮＡ断片が得られた。

【００６４】

配列番号１： aceA　　塩基配列

配列番号２：　aceA　　アミノ酸配列

配列番号３：　accBC　　塩基配列

配列番号４：　accBC　　アミノ酸配列

配列番号５：　dtsR1　　塩基配列

配列番号６：　dtsR1　　アミノ酸配列

配列番号７：　dtsR2　　塩基配列

配列番号８：　dtsR2　　アミノ酸配列

配列番号９：　pfk　　　塩基配列

配列番号10：　pfk　　　アミノ酸配列

配列番号11：　scrB　　　塩基配列

配列番号12：　scrB　　　アミノ酸配列

配列番号13：　scrB　　　塩基配列

配列番号14：　scrB　　　アミノ酸配列

配列番号15：　scrB　　　塩基配列

配列番号16：　gluABCD塩基配列

配列番号17：　gluABCDアミノ酸配列

配列番号18：　gluABCDアミノ酸配列

配列番号19：　gluABCDアミノ酸配列

配列番号20：　gluABCDアミノ酸配列

配列番号21：　pdhA　　塩基配列

配列番号22：　pdhA　　アミノ酸配列

配列番号23：　pc　　　塩基配列

配列番号24：　pc　　　アミノ酸配列

配列番号25：　ppc　　　塩基配列

配列番号26：　ppc　　　アミノ酸配列

配列番号27：　acn　　　塩基配列

配列番号28：　acn　　　アミノ酸配列

配列番号29：　icd　　　塩基配列

配列番号30：　icd　　　アミノ酸配列

配列番号31： lpd 塩基配列

配列番号32： lpd アミノ酸配列

配列番号33： odhA 塩基配列

配列番号34： odhA アミノ酸配列

【００６５】

【発明の効果】

本発明により、コリネバクテリウム・サーモアミノゲネスのアミノ酸生合成系酵素をコードする遺伝子、又はアミノ酸の細胞内への取り込みに関与するタンパク質をコードする遺伝子が提供される。

本発明の遺伝子は、前記酵素又はタンパク質の製造、又はアミノ酸生産菌の育種に利用することができる。

【００６６】

【配列表】

SEQUENCE LISTING

<110> Ajinomoto, Co., Inc.

<120> 高温耐性コリネ型細菌の耐熱性アミノ酸生合成系酵素遺伝子

<130> P-6910

<140>

<141> 1999-11-01

<160> 76

<170> PatentIn Ver. 2.0

【００６７】

<210> 1

<211> 1980

<212> DNA

<213> Corynebacterium thermoaminogenes

<220>

<221> CDS

<222> (577)..(1869)

<400> 1

```
tgcattccac cgacggtcac gcgttcggtc ttgtcagcgg cgtcaatctg ctgatggttc 60

atgcaaagct ccttcgaagc aagagatcgg gtgtgtgcgg gcacctatcg ggggaagccc 120

tcgctgcgcc ccaggggggag ctggcgatgt gaccaggtta agtgataacc atcaccttgc 180

caatgggttt gcgaacttta ccgtgacgct accccgctt ttgtttgatc acaccagctc 240

gaaggctgtc gcttttccga agatgcacgt gaagtggcaa atccttgcca cccgaggttt 300

tcccagtaca aacgtactag tgatgaggat cacggggaac attgtggaga ttgcactttg 360

caatatttgc aaaaggggtg actacccccg cgcaaaactt aaaaacccaa atccgttgac 420

ggacccatgc ccgatgaagc aatgtgtgaa gcacgccacc ggaacacagg ttgtggatca 480

ctcaccatga tgtgggggat tcgcatcaca cagtgtgcag gcggcacct ctaccgaatg 540

cgccttacag cagcaccaag aagaagtgac tcttag atg tca aac gtt gga acg  594
                                            Met Ser Asn Val Gly Thr
                                            1               5
```

```
.cca cgt acc gca cag gaa atc cag cag gat tgg gac acc aac cca cgc  642
 Pro Arg Thr Ala Gln Glu Ile Gln Gln Asp Trp Asp Thr Asn Pro Arg
         10              15              20
```

```
tgg aac gga atc acc cgc gac tac acc gct gag cag gta gct gag ctc  690
Trp Asn Gly Ile Thr Arg Asp Tyr Thr Ala Glu Gln Val Ala Glu Leu
        25              30              35
```

```
cag ggc agc gtc gtc gag gag cac acc ctc gca aag cgc ggc gcc gag  738
```

```
        Gln Gly Ser Val Val Glu Glu His Thr Leu Ala Lys Arg Gly Ala Glu
            40                  45                  50

        atc ctg tgg gat gca gtt tcc gca gag ggc gac gac tac atc aac gca        786
        Ile Leu Trp Asp Ala Val Ser Ala Glu Gly Asp Asp Tyr Ile Asn Ala
        55                  60                  65                  70

        ctg ggc gcc ctt acc ggt aac cag gct gtc cag cag gtc cgt gcc ggc        834
        Leu Gly Ala Leu Thr Gly Asn Gln Ala Val Gln Gln Val Arg Ala Gly
                            75                  80                  85

        ctg aag gct gtc tac ctc tcc ggc tgg cag gtc gca ggt gac gcc aac        882
        Leu Lys Ala Val Tyr Leu Ser Gly Trp Gln Val Ala Gly Asp Ala Asn
                            90                  95                  100

        ctc gcc ggt cac acc tac ccc gac cag tcc ctg tac ccg gcg aac tcc        930
        Leu Ala Gly His Thr Tyr Pro Asp Gln Ser Leu Tyr Pro Ala Asn Ser
                            105                 110                 115

        gtc ccg aac gtt gtc cgt cgc atc aac aac gca ctg ctg cgc gcc gat        978
        Val Pro Asn Val Val Arg Arg Ile Asn Asn Ala Leu Leu Arg Ala Asp
                            120                 125                 130

        gag atc gca cgc gtc gag ggt gac acc tcc gtc gac aac tgg ctc gtc        1026
        Glu Ile Ala Arg Val Glu Gly Asp Thr Ser Val Asp Asn Trp Leu Val
        135                 140                 145                 150

        ccg atc gtc gcc gac ggc gag gcc ggc ttc ggt ggc gcc ctc aac gtc        1074
        Pro Ile Val Ala Asp Gly Glu Ala Gly Phe Gly Gly Ala Leu Asn Val
                            155                 160                 165

        tac gag ctc cag aag ggc atg atc acc gct ggt gcc gca ggc acc cac        1122
        Tyr Glu Leu Gln Lys Gly Met Ile Thr Ala Gly Ala Ala Gly Thr His
                            170                 175                 180

        tgg gag gat cag ctc gct tcc gag aag aag tgt ggc cac ctc ggt ggc        1170
        Trp Glu Asp Gln Leu Ala Ser Glu Lys Lys Cys Gly His Leu Gly Gly
                            185                 190                 195
```

```
aag gtc ctc atc ccg acc cag cag cac atc cgc acc ctg aac tcc gcc    1218
Lys Val Leu Ile Pro Thr Gln Gln His Ile Arg Thr Leu Asn Ser Ala
        200             205             210

cgc ctg gca gct gac gtg gcc aac acc ccg acc gtc gtc atc gcc cgc    1266
Arg Leu Ala Ala Asp Val Ala Asn Thr Pro Thr Val Val Ile Ala Arg
        215             220             225             230

acc gac gca gag gcc gcc acc ctg atc acc tct gat gtt gat gag cgc    1314
Thr Asp Ala Glu Ala Ala Thr Leu Ile Thr Ser Asp Val Asp Glu Arg
                235             240             245

gac cgc cca ttc atc acc ggc gag cgc acc gcc gag ggc tac tac cac    1362
Asp Arg Pro Phe Ile Thr Gly Glu Arg Thr Ala Glu Gly Tyr Tyr His
        250             255             260

gtc aag ccg ggt ctc gag ccc tgc atc gca cgt gcg aag tcc tac gct    1410
Val Lys Pro Gly Leu Glu Pro Cys Ile Ala Arg Ala Lys Ser Tyr Ala
        265             270             275

ccc tac gca gac atg atc tgg atg gag acc ggc acc cct gac ctc gag    1458
Pro Tyr Ala Asp Met Ile Trp Met Glu Thr Gly Thr Pro Asp Leu Glu
        280             285             290

ctg gcc aag aag ttc gcc gag ggc gtc cgc agc gag ttc ccg gac cag    1506
Leu Ala Lys Lys Phe Ala Glu Gly Val Arg Ser Glu Phe Pro Asp Gln
295             300             305             310

ctg ctg tcc tac aac tgc tcc ccg tcc ttc aac tgg tct gca cac ctc    1554
Leu Leu Ser Tyr Asn Cys Ser Pro Ser Phe Asn Trp Ser Ala His Leu
                315             320             325

gag gcc gac gag atc gct aag ttc cag aag gaa ctg ggt gcc atg ggc    1602
Glu Ala Asp Glu Ile Ala Lys Phe Gln Lys Glu Leu Gly Ala Met Gly
                330             335             340

ttc aag ttc cag ttc atc acc ctg gct ggc ttc cac tcc ctc aac tac    1650
Phe Lys Phe Gln Phe Ile Thr Leu Ala Gly Phe His Ser Leu Asn Tyr
```

```
                 345                    350                     355
ggt atg ttc gac ctg gct tac ggc tac gcc cgt gaa ggc atg ccc gcc    1698
Gly Met Phe Asp Leu Ala Tyr Gly Tyr Ala Arg Glu Gly Met Pro Ala
                    360                    365                     370
ttc gtc gac ctg cag aac cgt gag ttc aag gca gct gag gag cgc ggc    1746
Phe Val Asp Leu Gln Asn Arg Glu Phe Lys Ala Ala Glu Glu Arg Gly
375                    380                    385                     390
ttc acc gcc gtc aag cac cag cgt gag gtc ggc gcc ggc tac ttc gac    1794
Phe Thr Ala Val Lys His Gln Arg Glu Val Gly Ala Gly Tyr Phe Asp
                        395                    400                     405
acc atc gcc acc acc gtt gac ccg aac tcc tcc acc acc gcg ctg aag    1842
Thr Ile Ala Thr Thr Val Asp Pro Asn Ser Ser Thr Thr Ala Leu Lys
                        410                    415                     420
ggt tcc acc gag gaa tgc cag ttc cac taggaaccac ctgatcggt           1889
Gly Ser Thr Glu Glu Cys Gln Phe His
                        425                    430
gccgtatggc ctgacggcac cgcccctccc tttgcactcc agtactcctt tgtgcacatc  1949
ggccatctcc acaccgcgcg ccccgccacc t                                 1980
```

【0068】

<210> 2

<211> 431

<212> PRT

<213> Corynebacterium thermoaminogenes

<400> 2

```
Met Ser Asn Val Gly Thr Pro Arg Thr Ala Gln Glu Ile Gln Gln Asp
1                   5                      10                     15
Trp Asp Thr Asn Pro Arg Trp Asn Gly Ile Thr Arg Asp Tyr Thr Ala
                    20                     25                     30
```

Glu Gln Val Ala Glu Leu Gln Gly Ser Val Val Glu Glu His Thr Leu
      35   40   45

Ala Lys Arg Gly Ala Glu Ile Leu Trp Asp Ala Val Ser Ala Glu Gly
      50   55   60

Asp Asp Tyr Ile Asn Ala Leu Gly Ala Leu Thr Gly Asn Gln Ala Val
  65   70   75   80

Gln Gln Val Arg Ala Gly Leu Lys Ala Val Tyr Leu Ser Gly Trp Gln
              85   90   95

Val Ala Gly Asp Ala Asn Leu Ala Gly His Thr Tyr Pro Asp Gln Ser
        100   105   110

Leu Tyr Pro Ala Asn Ser Val Pro Asn Val Val Arg Arg Ile Asn Asn
        115   120   125

Ala Leu Leu Arg Ala Asp Glu Ile Ala Arg Val Glu Gly Asp Thr Ser
        130   135   140

Val Asp Asn Trp Leu Val Pro Ile Val Ala Asp Gly Glu Ala Gly Phe
145   150   155   160

Gly Gly Ala Leu Asn Val Tyr Glu Leu Gln Lys Gly Met Ile Thr Ala
              165   170   175

Gly Ala Ala Gly Thr His Trp Glu Asp Gln Leu Ala Ser Glu Lys Lys
        180   185   190

Cys Gly His Leu Gly Gly Lys Val Leu Ile Pro Thr Gln Gln His Ile
        195   200   205

Arg Thr Leu Asn Ser Ala Arg Leu Ala Ala Asp Val Ala Asn Thr Pro
        210   215   220

Thr Val Val Ile Ala Arg Thr Asp Ala Glu Ala Ala Thr Leu Ile Thr
225   230   235   240

Ser Asp Val Asp Glu Arg Asp Arg Pro Phe Ile Thr Gly Glu Arg Thr
        245   250   255

Ala Glu Gly Tyr Tyr His Val Lys Pr Gly Leu Glu Pr Cys Ile Ala

        出証特2000−3093613

```
               260                265                270
Arg Ala Lys Ser Tyr Ala Pro Tyr Ala Asp Met Il  Trp Met Glu Thr
               275                280                285
Gly Thr Pro Asp Leu Glu Leu Ala Lys Lys Phe Ala Glu Gly Val Arg
               290                295                300
Ser Glu Phe Pro Asp Gln Leu Leu Ser Tyr Asn Cys Ser Pro Ser Phe
305                310                315                320
Asn Trp Ser Ala His Leu Glu Ala Asp Glu Ile Ala Lys Phe Gln Lys
                    325                330                335
Glu Leu Gly Ala Met Gly Phe Lys Phe Gln Phe Ile Thr Leu Ala Gly
               340                345                350
Phe His Ser Leu Asn Tyr Gly Met Phe Asp Leu Ala Tyr Gly Tyr Ala
               355                360                365
Arg Glu Gly Met Pro Ala Phe Val Asp Leu Gln Asn Arg Glu Phe Lys
               370                375                380
Ala Ala Glu Glu Arg Gly Phe Thr Ala Val Lys His Gln Arg Glu Val
385                390                395                400
Gly Ala Gly Tyr Phe Asp Thr Ile Ala Thr Thr Val Asp Pro Asn Ser
                    405                410                415
Ser Thr Thr Ala Leu Lys Gly Ser Thr Glu Glu Cys Gln Phe His
                    420                425                430
```

【0069】

<210> 3

<211> 2384

<212> DNA

<213> Corynebacterium thermoaminogenes

<220>

<221> CDS

<222> (577)..(2352)

<400> 3

```
agcaggccgt gttgccgaac ggcaacttcc gcagccgcaa ggagatcgag gaggtgtact   60

cgcacctcaa ccctgccgag gacaccgtgg tgtactgccg cgtgggtgac cgcgcggccc  120

acacctggtt cgtgttgaag tacctgctgg ggtttgaaaa cgtccgcaac tatgacggtt  180

cctggtccga gtggggcaac atggtgcgca tgcccatcgt ccagggtgat gagccgggct  240

cactctagtc accccggggt cacctccctg gtcacccccg taccctcccg ggtacacccc  300

ggggacgggg tgtgacctgg atctcccctg catgtggaca ccgggaaact ttgcctggga  360

aatgaccatc cagtaccgta atgcgggtat gttaacgcgg tcacagggta caccagaatc  420

cggatcgtct aaccccctta gcgggattcg ctaaaagatc accgagttag tgtgcaagaa  480

taatgctgat cgcaggggca ctgtcatacg ctgtcatgca gtcaatgaac agtgcggtgc  540

tctgtcgtga agaaaatcaa aaccaggagg gtttta gtg tca gtc gag acc agg    594
                                        Val Ser Val Glu Thr Arg
                                          1               5

aag atc acc aag gta ctt gtc gcc aac cgt ggt gaa atc gca atc cgt   642
Lys Ile Thr Lys Val Leu Val Ala Asn Arg Gly Glu Ile Ala Ile Arg
            10              15              20

gtt ttc cgc gca gca cgg gat gaa ggc atc gcc tct gtc gcc gtc tac   690
Val Phe Arg Ala Ala Arg Asp Glu Gly Ile Ala Ser Val Ala Val Tyr
        25              30              35

gcg gag ccg gac gca gat gcc cct ttc gtc gag tat gcc gat gag gcc   738
Ala Glu Pro Asp Ala Asp Ala Pro Phe Val Glu Tyr Ala Asp Glu Ala
        40              45              50

ttc gca ctc ggt ggc cag act tcc gca gag tcc tac ctc gtc att gac   786
Phe Ala Leu Gly Gly Gln Thr Ser Ala Glu Ser Tyr Leu Val Ile Asp
55              60              65              70

aag atc att gac gca gca cgc aag tcc ggt gca gac gct gtc cac ccc   834
Lys Ile Ile Asp Ala Ala Arg Lys Ser Gly Ala Asp Ala Val His Pr
```

```
                    75                      80                      85
ggc tac ggc ttc ctc gcc gag aac gcc gat ttc gct gaa gct gtc atc    882
Gly Tyr Gly Phe Leu Ala Glu Asn Ala Asp Phe Ala Glu Ala Val Ile
                         90                      95                     100
aac gag ggc ctg atc tgg atc gga cca tcc cct gag tcc atc cgt tcc    930
Asn Glu Gly Leu Ile Trp Ile Gly Pro Ser Pro Glu Ser Ile Arg Ser
                        105                     110                     115
ctc ggt gac aag gtc acc gca cgc cac atc gcc aac aac gcc aac gca    978
Leu Gly Asp Lys Val Thr Ala Arg His Ile Ala Asn Asn Ala Asn Ala
                        120                     125                     130
ccg atg gca ccg ggc acc aag gag cct gtc aag gac gcc gct gag gtt   1026
Pro Met Ala Pro Gly Thr Lys Glu Pro Val Lys Asp Ala Ala Glu Val
135                     140                     145                     150
gtc gcc ttc gcc gag gag ttc ggt ctc ccc atc gcc atc aag gct gcc   1074
Val Ala Phe Ala Glu Glu Phe Gly Leu Pro Ile Ala Ile Lys Ala Ala
                        155                     160                     165
ttc ggt ggc ggc gga cgt ggc atg aag gtc gcc tac gag atg gac gaa   1122
Phe Gly Gly Gly Gly Arg Gly Met Lys Val Ala Tyr Glu Met Asp Glu
                        170                     175                     180
gtc gcc gac ctc ttc gaa tcc gcc acc cgt gag gcc acc gcc gcc ttc   1170
Val Ala Asp Leu Phe Glu Ser Ala Thr Arg Glu Ala Thr Ala Ala Phe
                        185                     190                     195
ggt cgt ggt gag tgc ttc gtg gag cgc tac ctg gac aag gcc cgc cac   1218
Gly Arg Gly Glu Cys Phe Val Glu Arg Tyr Leu Asp Lys Ala Arg His
200                     205                     210
gtc gag gca cag gtc atc gcc gac aag cac ggc aac gtt gtg gtc gcc   1266
Val Glu Ala Gln Val Ile Ala Asp Lys His Gly Asn Val Val Val Ala
215                     220                     225                     230
ggt acc cgt gac tgc tcc ctg cag cgt cgt ttc cag aag ctc gtc gag   1314
```

```
Gly Thr Arg Asp Cys S r Leu Gln Arg Arg Phe Gln Lys Leu Val Glu
                235             240             245

gag gca ccg gca ccg ttc ctc acc gat gag cag cgt gac cgc atc cac    1362
Glu Ala Pro Ala Pro Phe Leu Thr Asp Glu Gln Arg Asp Arg Ile His
                250             255             260

tcc tcc gcc aag gct atc tgc cgc gag gcc ggt tac tac ggt gcc ggc    1410
Ser Ser Ala Lys Ala Ile Cys Arg Glu Ala Gly Tyr Tyr Gly Ala Gly
                265             270             275

acc gtg gag tac ctg gtc ggt tcc gac gga ctg atc tcc ttc ctg gag    1458
Thr Val Glu Tyr Leu Val Gly Ser Asp Gly Leu Ile Ser Phe Leu Glu
                280             285             290

gtc aac acc cgc ctg cag gtg gag cac ccc gtc acc gag gag acc acc    1506
Val Asn Thr Arg Leu Gln Val Glu His Pro Val Thr Glu Glu Thr Thr
295             300             305             310

ggc atc gac ctg gtg cgc gag atg ttc cgc atc gcc gag ggc gcc gag    1554
Gly Ile Asp Leu Val Arg Glu Met Phe Arg Ile Ala Glu Gly Ala Glu
                315             320             325

ctc tcc atc aag gag gac ccg acc cca cgc ggc cac gcc ttc gag ttc    1602
Leu Ser Ile Lys Glu Asp Pro Thr Pro Arg Gly His Ala Phe Glu Phe
                330             335             340

cgc atc aac ggc gag gac gca ggc tcc aac ttc atg ccc gca ccg ggc    1650
Arg Ile Asn Gly Glu Asp Ala Gly Ser Asn Phe Met Pro Ala Pro Gly
                345             350             355

aag atc acc cgc tac cgt gag ccc gcc ggc ccg ggt gtc cgc atg gac    1698
Lys Ile Thr Arg Tyr Arg Glu Pro Ala Gly Pro Gly Val Arg Met Asp
                360             365             370

tcc ggc gtt gtc gag ggt tcc gag atc tcc ggc cag ttc gac tcc atg    1746
Ser Gly Val Val Glu Gly Ser Glu Ile Ser Gly Gln Phe Asp Ser Met
375             380             385             390
```

ctg gcc aag ctg atc gtc tgg ggc cag acc cgt gag cag gcc ctg gag   1794
Leu Ala Lys Leu Ile Val Trp Gly Gln Thr Arg Glu Gln Ala Leu Glu
              395   400   405

cgt tcc cgt cgt gcg ctc ggc gag tac atc gtc gag ggc atg ccg acc   1842
Arg Ser Arg Arg Ala Leu Gly Glu Tyr Ile Val Glu Gly Met Pro Thr
              410   415   420

gtc atc ccg ttc cac tcc cac atc gtc tcc aac ccg gca ttc gtc ggt   1890
Val Ile Pro Phe His Ser His Ile Val Ser Asn Pro Ala Phe Val Gly
              425   430   435

gac ggc gag ggc ttc gag gtc tac acc aag tgg atc gag gag gtc tgg   1938
Asp Gly Glu Gly Phe Glu Val Tyr Thr Lys Trp Ile Glu Glu Val Trp
       440   445   450

gac aac ccg atc gag ccg ttc gtc gat gca gcc gac ctc gac gac gac   1986
Asp Asn Pro Ile Glu Pro Phe Val Asp Ala Ala Asp Leu Asp Asp Asp
 455   460   465   470

gag gag aag acc ccg tcg cag aag gtc atc gtc gag atc gac ggc cgc   2034
Glu Glu Lys Thr Pro Ser Gln Lys Val Ile Val Glu Ile Asp Gly Arg
             475   480   485

cgc gtc gag gtg gct ctc ccg ggc gac ctc gct ctc ggc ggt ggc gca   2082
Arg Val Glu Val Ala Leu Pro Gly Asp Leu Ala Leu Gly Gly Gly Ala
             490   495   500

ggt gcc gcc aag aag aag ccg aag aag cgt cgc gca ggt ggc gcc aag   2130
Gly Ala Ala Lys Lys Lys Pro Lys Lys Arg Arg Ala Gly Gly Ala Lys
             505   510   515

gcc ggt gtc tcc ggt gac tcc gtc gca gcc ccg atg cag ggc acc gtc   2178
Ala Gly Val Ser Gly Asp Ser Val Ala Ala Pro Met Gln Gly Thr Val
             520   525   530

atc aag gtc aac gtt gag gac ggc gcc gag gtc tcc gag ggt gac acc   2226
Ile Lys Val Asn Val Glu Asp Gly Ala Glu Val Ser Glu Gly Asp Thr

```
         535                  540                  545                  550
gtc gtg gtt ctc gag gcc atg aag atg gag aac ccg gtc aag gcc cac          2274
Val Val Val Leu Glu Ala Met Lys Met Glu Asn Pro Val Lys Ala His
                    555                  560                  565
aag tcc ggt acc gtc tcc ggt ctg acc atc gcc gcg ggt gag ggc gtg          2322
Lys Ser Gly Thr Val Ser Gly Leu Thr Ile Ala Ala Gly Glu Gly Val
                    570                  575                  580
acc aag ggt cag gtt ctc ctg gag atc aag taatcccttc agggaacaga           2372
Thr Lys Gly Gln Val Leu Leu Glu Ile Lys
          585                  590
cagccctgtt ct                                                            2384
```

【００７０】

<210> 4

<211> 592

<212> PRT

<213> Corynebacterium thermoaminogenes

<400> 4

```
Val Ser Val Glu Thr Arg Lys Ile Thr Lys Val Leu Val Ala Asn Arg
 1               5                    10                  15
Gly Glu Ile Ala Ile Arg Val Phe Arg Ala Ala Arg Asp Glu Gly Ile
                 20                   25                  30
Ala Ser Val Ala Val Tyr Ala Glu Pro Asp Ala Asp Ala Pro Phe Val
          35                   40                   45
Glu Tyr Ala Asp Glu Ala Phe Ala Leu Gly Gly Gln Thr Ser Ala Glu
          50                   55                   60
Ser Tyr Leu Val Ile Asp Lys Ile Ile Asp Ala Ala Arg Lys Ser Gly
65                   70                   75                  80
Ala Asp Ala Val His Pr  Gly Tyr Gly Phe Leu Ala Glu Asn Ala Asp
```

出証特２０００−３０９３６１３

```
                85                    90                    95
  Phe Ala Glu Ala Val Ile Asn Glu Gly Leu Ile Trp Ile Gly Pr  Ser
            100                   105                   110
  Pro Glu Ser Ile Arg Ser Leu Gly Asp Lys Val Thr Ala Arg His Ile
            115                   120                   125
--Ala-Asn-Asn-Ala-Asn-Ala-Pro-Met-Ala-Pro-Gly-Thr-Lys-Glu-Pro Val
            130                   135                   140
  Lys Asp Ala Ala Glu Val Val Ala Phe Ala Glu Glu Phe Gly Leu Pro
  145                   150                   155                   160
  Ile Ala Ile Lys Ala Ala Phe Gly Gly Gly Gly Arg Gly Met Lys Val
                165                   170                   175
  Ala Tyr Glu Met Asp Glu Val Ala Asp Leu Phe Glu Ser Ala Thr Arg
            180                   185                   190
  Glu Ala Thr Ala Ala Phe Gly Arg Gly Glu Cys Phe Val Glu Arg Tyr
            195                   200                   205
  Leu Asp Lys Ala Arg His Val Glu Ala Gln Val Ile Ala Asp Lys His
            210                   215                   220
  Gly Asn Val Val Val Ala Gly Thr Arg Asp Cys Ser Leu Gln Arg Arg
  225                   230                   235                   240
  Phe Gln Lys Leu Val Glu Glu Ala Pro Ala Pro Phe Leu Thr Asp Glu
                245                   250                   255
  Gln Arg Asp Arg Ile His Ser Ser Ala Lys Ala Ile Cys Arg Glu Ala
                260                   265                   270
  Gly Tyr Tyr Gly Ala Gly Thr Val Glu Tyr Leu Val Gly Ser Asp Gly
            275                   280                   285
  Leu Ile Ser Phe Leu Glu Val Asn Thr Arg Leu Gln Val Glu His Pro
  290                   295                   300
  Val Thr Glu Glu Thr Thr Gly Ile Asp Leu Val Arg Glu Met Phe Arg
  305                   310                   315                   320
```

Ile Ala Glu Gly Ala Glu Leu Ser Ile Lys Glu Asp Pro Thr Pro Arg
325 330 335

Gly His Ala Phe Glu Phe Arg Ile Asn Gly Glu Asp Ala Gly Ser Asn
340 345 350

Phe Met Pro Ala Pro Gly Lys Ile Thr Arg Tyr Arg Glu Pro Ala Gly
355 360 365

Pro Gly Val Arg Met Asp Ser Gly Val Val Glu Gly Ser Glu Ile Ser
370 375 380

Gly Gln Phe Asp Ser Met Leu Ala Lys Leu Ile Val Trp Gly Gln Thr
385 390 395 400

Arg Glu Gln Ala Leu Glu Arg Ser Arg Arg Ala Leu Gly Glu Tyr Ile
405 410 415

Val Glu Gly Met Pro Thr Val Ile Pro Phe His Ser His Ile Val Ser
420 425 430

Asn Pro Ala Phe Val Gly Asp Gly Glu Gly Phe Glu Val Tyr Thr Lys
435 440 445

Trp Ile Glu Glu Val Trp Asp Asn Pro Ile Glu Pro Phe Val Asp Ala
450 455 460

Ala Asp Leu Asp Asp Asp Glu Glu Lys Thr Pro Ser Gln Lys Val Ile
465 470 475 480

Val Glu Ile Asp Gly Arg Arg Val Glu Val Ala Leu Pro Gly Asp Leu
485 490 495

Ala Leu Gly Gly Gly Ala Gly Ala Ala Lys Lys Lys Pro Lys Lys Arg
500 505 510

Arg Ala Gly Gly Ala Lys Ala Gly Val Ser Gly Asp Ser Val Ala Ala
515 520 525

Pro Met Gln Gly Thr Val Ile Lys Val Asn Val Glu Asp Gly Ala Glu
530 535 540

Val Ser Glu Gly Asp Thr Val Val Val Leu Glu Ala Met Lys Met Glu

```
545                   550                  555                  560
Asn Pro Val Lys Ala His Lys Ser Gly Thr Val Ser Gly Leu Thr Ile
                          565                  570                  575
Ala Ala Gly Glu Gly Val Thr Lys Gly Gln Val Leu Leu Glu Ile Lys
                  580                  585                  590
```

[0071]

<210> 5

<211> 2128

<212> DNA

<213> Corynebacterium thermoaminogenes

<220>

<221> CDS

<222> (339)..(1967)

<400> 5

```
gctgtcattc cgaccacatt cgccccggga tccgggctcc accacctccc ggacccatgc   60
cccatacctg cggaaaccac gggaaacacg gaaaaaccg atctcattca gaccggcggg   120
atccacctgt ggaacagtca gcggcgcggc catggagggc agcgacaggt gacgtccgag   180
cacccggttc cccaccgtgg acacggcatt gatccgacac ggtggggata gtttcatgct   240
gaaaaactat cgctgtgcag ggaggatccg gaatgtgacc tatttcatgg agaaatgatt   300
gtggacgata cccccgggta cggctaccat tccaaaac atg acc att tcc tca cct   356
                                          Met Thr Ile Ser Ser Pro
                                            1               5

ttg att gac gtc gct aac ctg cca gac atc aac acc acc gcc ggc aag   404
Leu Ile Asp Val Ala Asn Leu Pro Asp Ile Asn Thr Thr Ala Gly Lys
              10                  15                  20

atc gcc gac ctg aag gcc cgc cgg gcg gaa gcc cac ttc ccc atg ggt   452
Ile Ala Asp Leu Lys Ala Arg Arg Ala Glu Ala His Phe Pr  Met Gly
```

```
          25                   30                   35
gaa aag gcc gta gag aag gtc cac gcg gcc aac cgc ctc acc gcg cgc     500
Glu Lys Ala Val Glu Lys Val His Ala Ala Asn Arg Leu Thr Ala Arg
          40                   45                   50
gaa cga ctt gac tac ctg ctc gat gaa ggc tcc ttc atc gaa acc gat     548
Glu Arg Leu Asp Tyr Leu Leu Asp Glu Gly Ser Phe Ile Glu Thr Asp
 55                   60                   65                   70
cag ctc gca cgc cac cgc acc acc gcg ttc ggc ctg ggc aac aag cga     596
Gln Leu Ala Arg His Arg Thr Thr Ala Phe Gly Leu Gly Asn Lys Arg
                    75                   80                   85
ccg gcc acc gac ggc atc gtc acc ggc tgg ggc acc atc gac ggc cgc     644
Pro Ala Thr Asp Gly Ile Val Thr Gly Trp Gly Thr Ile Asp Gly Arg
                    90                   95                   100
gag gtc tgc atc ttc tcc cag gac ggc acc gtc ttc ggt ggc gca ctc     692
Glu Val Cys Ile Phe Ser Gln Asp Gly Thr Val Phe Gly Gly Ala Leu
                    105                  110                  115
ggt gag gtc tac ggc gag aag atg atc aag atc atg gag ctg gcc atc     740
Gly Glu Val Tyr Gly Glu Lys Met Ile Lys Ile Met Glu Leu Ala Ile
                    120                  125                  130
gac acc ggc cgc cca ctc atc ggc ctg tac gag ggt gca ggt gcc cgc     788
Asp Thr Gly Arg Pro Leu Ile Gly Leu Tyr Glu Gly Ala Gly Ala Arg
135                  140                  145                  150
atc cag gac ggt gcg gtc tcc ctc gac ttc atc tcc cag acc ttc tat     836
Ile Gln Asp Gly Ala Val Ser Leu Asp Phe Ile Ser Gln Thr Phe Tyr
                    155                  160                  165
cag aac atc cag gcc tcc ggc gtg atc ccg cag atc tcc gtg atc atg     884
Gln Asn Ile Gln Ala Ser Gly Val Ile Pro Gln Ile Ser Val Ile Met
                    170                  175                  180
ggt gcc tgc gcc ggt ggc aac gcc tac ggc ccg gcc ctg acc gac ttc     932
```

```
Gly Ala Cys Ala Gly Gly Asn Ala Tyr Gly Pro Ala Leu Thr Asp Phe
            185             190             195

gtg gtc atg gtg gac aag acc tcg aag atg ttc gtc acc ggc ccc gat      980
Val Val Met Val Asp Lys Thr Ser Lys Met Phe Val Thr Gly Pro Asp
            200             205             210

gtg atc aag acc gtc acc ggc gag gag atc acc cag gag gag ctc ggc     1028
Val Ile Lys Thr Val Thr Gly Glu Glu Ile Thr Gln Glu Glu Leu Gly
215             220             225             230

gga gca acc acc cac atg gtc acc gcc ggc aac tcc cac tac acc gtc     1076
Gly Ala Thr Thr His Met Val Thr Ala Gly Asn Ser His Tyr Thr Val
            235             240             245

gcc acc gat gag gag gcc ctc gac tgg gtc cag gac ctc atc tcc ttc     1124
Ala Thr Asp Glu Glu Ala Leu Asp Trp Val Gln Asp Leu Ile Ser Phe
            250             255             260

ctg ccc tcc aac aat cgc tcc tac gcc ccg gtg gag gag ttc gac gag     1172
Leu Pro Ser Asn Asn Arg Ser Tyr Ala Pro Val Glu Glu Phe Asp Glu
            265             270             275

gag gac ggt ggc atc gcc gag aac atc acc gcc gat gac ctg aag ctg     1220
Glu Asp Gly Gly Ile Ala Glu Asn Ile Thr Ala Asp Asp Leu Lys Leu
            280             285             290

gat gag atc atc ccg gat tcc gcc acc gtg ccc tat gat gtc cgc gac     1268
Asp Glu Ile Ile Pro Asp Ser Ala Thr Val Pro Tyr Asp Val Arg Asp
295             300             305             310

gtc atc cag tgc ctg acc gac gac ggt gag tac ctg gag atc cag gcc     1316
Val Ile Gln Cys Leu Thr Asp Asp Gly Glu Tyr Leu Glu Ile Gln Ala
            315             320             325

gac cga gcc gag aat gtc gtc atc gcc ttc ggc cgc atc gag ggc cag     1364
Asp Arg Ala Glu Asn Val Val Ile Ala Phe Gly Arg Ile Glu Gly Gln
            330             335             340
```

tcc gtc ggt ttc gtc gcc aac cag ccg acc cag ttc gcc ggc tgc ctg   1412
Ser Val Gly Ph Val Ala Asn Gln Pro Thr Gln Phe Ala Gly Cys Leu
          345   350   355

gac atc gac tcc tcc gag aag gca gcc cgc ttc gtc cgc acc tgc gat   1460
Asp Ile Asp Ser Ser Glu Lys Ala Ala Arg Phe Val Arg Thr Cys Asp
          360   365   370

gcc ttc aac atc ccg atc gtc atg ctt gtc gac gtc ccc ggc ttc ctc   1508
Ala Phe Asn Ile Pro Ile Val Met Leu Val Asp Val Pro Gly Phe Leu
375   380   385   390

ccc ggt gcc ggc cag gag tac ggc ggc atc ctg cgt cgt ggc gcc aaa   1556
Pro Gly Ala Gly Gln Glu Tyr Gly Gly Ile Leu Arg Arg Gly Ala Lys
                395   400   405

ctg ctc tac gcc tac ggt gag gcc acc gtc ccg aag atc acc gtg acc   1604
Leu Leu Tyr Ala Tyr Gly Glu Ala Thr Val Pro Lys Ile Thr Val Thr
             410   415   420

atg cgc aag gcc tac ggc ggt gcg tac tgt gtc atg gga tcc aag ggt   1652
Met Arg Lys Ala Tyr Gly Gly Ala Tyr Cys Val Met Gly Ser Lys Gly
             425   430   435

ctg ggc gca gac atc aac ctg gcc tgg ccg acc gcg cag atc gcc gtc   1700
Leu Gly Ala Asp Ile Asn Leu Ala Trp Pro Thr Ala Gln Ile Ala Val
          440   445   450

atg ggt gcc gcc ggc gcg gtc cag ttc atc tac cgc aag gag ctc atg   1748
Met Gly Ala Ala Gly Ala Val Gln Phe Ile Tyr Arg Lys Glu Leu Met
455   460   465   470

gcc gct gat gcc aag ggc ctg gac acc gtc gcc ctg gcc cag tcc ttc   1796
Ala Ala Asp Ala Lys Gly Leu Asp Thr Val Ala Leu Ala Gln Ser Phe
             475   480   485

gag cgt gag tac gag gac cac atg ctc aac ccg tac ctg gcg gcc gag   1844
Glu Arg Glu Tyr Glu Asp His Met Leu Asn Pro Tyr Leu Ala Ala Glu

```
              490                 495                 500
cgt ggc ctc atc gac gcg gtg atc ctg ccg tcc gag acc cgt ggc cag   1892
Arg Gly Leu Ile Asp Ala Val Ile Leu Pro Ser Glu Thr Arg Gly Gln
                   505               510               515
atc gca cgc aac ctg cgt ctg ctc aag cac aag aat gtc tcc cgc cct   1940
Ile Ala Arg Asn Leu Arg Leu Leu Lys His Lys Asn Val Ser Arg Pro
                   520               525               530
gcc cgc aag cac ggc aac atg cca ctg taagcacccg ggaccacccc         1987
Ala Arg Lys His Gly Asn Met Pro Leu
535                 540
ctacgcccgc acccacggcc ctttgctggc aggtgcgggc gctgtgcgtt ttccgcgcct 2047
gccgacgccc ggccccctgc cctgtgatgc gatctgcgga tgtgatctgc gcccgcgcca 2107
actcccctgg ttgaaccctg c                                            2128
```

【００７２】

<210> 6

<211> 543

<212> PRT

<213> Corynebacterium thermoaminogenes

<400> 6

```
Met Thr Ile Ser Ser Pro Leu Ile Asp Val Ala Asn Leu Pro Asp Ile
 1               5                  10                  15
Asn Thr Thr Ala Gly Lys Ile Ala Asp Leu Lys Ala Arg Arg Ala Glu
                 20                  25                  30
Ala His Phe Pro Met Gly Glu Lys Ala Val Glu Lys Val His Ala Ala
           35                  40                  45
Asn Arg Leu Thr Ala Arg Glu Arg Leu Asp Tyr Leu Leu Asp Glu Gly
           50                  55                  60
Ser Phe Ile Glu Thr Asp Gln Leu Ala Arg His Arg Thr Thr Ala Phe
```

```
        65                    70                    75                    80
Gly Leu Gly Asn Lys Arg Pro Ala Thr Asp Gly Ile Val Thr Gly Trp
                    85                    90                    95
Gly Thr Ile Asp Gly Arg Glu Val Cys Ile Phe Ser Gln Asp Gly Thr
              100                   105                   110
Val Phe Gly Gly Ala Leu Gly Glu Val Tyr Gly Glu Lys Met Ile Lys
              115                   120                   125
Ile Met Glu Leu Ala Ile Asp Thr Gly Arg Pro Leu Ile Gly Leu Tyr
        130                   135                   140
Glu Gly Ala Gly Ala Arg Ile Gln Asp Gly Ala Val Ser Leu Asp Phe
  145                   150                   155                   160
Ile Ser Gln Thr Phe Tyr Gln Asn Ile Gln Ala Ser Gly Val Ile Pro
              165                   170                   175
Gln Ile Ser Val Ile Met Gly Ala Cys Ala Gly Gly Asn Ala Tyr Gly
              180                   185                   190
Pro Ala Leu Thr Asp Phe Val Val Met Val Asp Lys Thr Ser Lys Met
              195                   200                   205
Phe Val Thr Gly Pro Asp Val Ile Lys Thr Val Thr Gly Glu Glu Ile
        210                   215                   220
Thr Gln Glu Glu Leu Gly Gly Ala Thr Thr His Met Val Thr Ala Gly
  225                   230                   235                   240
Asn Ser His Tyr Thr Val Ala Thr Asp Glu Glu Ala Leu Asp Trp Val
              245                   250                   255
Gln Asp Leu Ile Ser Phe Leu Pro Ser Asn Asn Arg Ser Tyr Ala Pro
              260                   265                   270
Val Glu Glu Phe Asp Glu Glu Asp Gly Gly Ile Ala Glu Asn Ile Thr
              275                   280                   285
Ala Asp Asp Leu Lys Leu Asp Glu Ile Ile Pro Asp Ser Ala Thr Val
        290                   295                   300
```

Pro Tyr Asp Val Arg Asp Val Ile Gln Cys Leu Thr Asp Asp Gly Glu
305   310   315   320

Tyr Leu Glu Ile Gln Ala Asp Arg Ala Glu Asn Val Val Ile Ala Phe
                325   330   335

Gly Arg Ile Glu Gly Gln Ser Val Gly Phe Val Ala Asn Gln Pro Thr
                340   345   350

Gln Phe Ala Gly Cys Leu Asp Ile Asp Ser Ser Glu Lys Ala Ala Arg
                355   360   365

Phe Val Arg Thr Cys Asp Ala Phe Asn Ile Pro Ile Val Met Leu Val
                370   375   380

Asp Val Pro Gly Phe Leu Pro Gly Ala Gly Gln Glu Tyr Gly Gly Ile
385   390   395   400

Leu Arg Arg Gly Ala Lys Leu Leu Tyr Ala Tyr Gly Glu Ala Thr Val
                405   410   415

Pro Lys Ile Thr Val Thr Met Arg Lys Ala Tyr Gly Gly Ala Tyr Cys
                420   425   430

Val Met Gly Ser Lys Gly Leu Gly Ala Asp Ile Asn Leu Ala Trp Pro
                435   440   445

Thr Ala Gln Ile Ala Val Met Gly Ala Ala Gly Ala Val Gln Phe Ile
                450   455   460

Tyr Arg Lys Glu Leu Met Ala Ala Asp Ala Lys Gly Leu Asp Thr Val
465   470   475   480

Ala Leu Ala Gln Ser Phe Glu Arg Glu Tyr Glu Asp His Met Leu Asn
                485   490   495

Pro Tyr Leu Ala Ala Glu Arg Gly Leu Ile Asp Ala Val Ile Leu Pro
                500   505   510

Ser Glu Thr Arg Gly Gln Ile Ala Arg Asn Leu Arg Leu Leu Lys His
                515   520   525

Lys Asn Val Ser Arg Pro Ala Arg Lys His Gly Asn Met Pr Leu

530 535 540

【００７３】

<210> 7

<211> 2076

<212> DNA

<213> Corynebacterium thermoaminogenes ---

<220>

<221> CDS

<222> (412)..(2022)

<400> 7

```
acgcccggcc ccctgccctg tgatgcgatc tgcggatgtg atctgcgccc gcgccaactc  60

ccctggttga accctgccac ataccctgag tcgcacctgg gtggggtcac tttccacctc  120

acggggggga ggaggtcaca taggccatac gctgcacttt tgatgaagtg tgggcagatc  180

gaccgggcaa atctgggaaa taaggggcct ggtgaactag cattcccctt agcgaagggt  240

gagcatcgcg accccgcga tgtcccaacc ggtcgtaaat tcatgtgccg ccacagtccc  300

ctcaccaggg gatcggaacc agcccagcct gattccggcg tgacggacct caccgtgaac  360

aagtccccgc attactcaca gaactcacac caggatttag actaagaaac c atg act  417
                                                          Met Thr
                                                            1
```

```
gca gca acg aca gca cct gat ctg acc acc acc gcc ggc aaa ctc gcg  465
Ala Ala Thr Thr Ala Pro Asp Leu Thr Thr Thr Ala Gly Lys Leu Ala
          5                   10                  15
```

```
gat ctc cgc gcc cgc ctt tcc gag acc cag gcc ccc atg ggt cag gcc  513
Asp Leu Arg Ala Arg Leu Ser Glu Thr Gln Ala Pro Met Gly Gln Ala
      20                  25                  30
```

```
tcc gtg gag aag gtg cac gag gca ggg aag aag acc gca cgc gag cgc  561
Ser Val Glu Lys Val His Glu Ala Gly Lys Lys Thr Ala Arg Glu Arg
```

```
        35                    40                    45                    50
atc gag tac ctg ctc gat gag ggc tcc ttc gtt gag gtc gat gcc ctc   609
Ile Glu Tyr Leu Leu Asp Glu Gly Ser Phe Val Glu Val Asp Ala Leu
                        55                    60                    65
gcc cgc cac cgt tcc aag aac ttc ggc ctg gac tcc aag cgc ccg gtc   657
Ala Arg His Arg Ser Lys Asn Phe Gly Leu Asp Ser Lys Arg Pro Val
                        70                    75                    80
acc gac ggt gtg gtc acc ggt tac ggc acc atc gac gga cgc aag gtc   705
Thr Asp Gly Val Val Thr Gly Tyr Gly Thr Ile Asp Gly Arg Lys Val
                        85                    90                    95
tgc gtc ttc tcc cag gac ggc gct atc ttc ggc ggt gcc ctc ggt gag   753
Cys Val Phe Ser Gln Asp Gly Ala Ile Phe Gly Gly Ala Leu Gly Glu
        100                   105                   110
gtc tac ggc gag aag atc gtc aag atc atg gac ctg gcc atc aag acc   801
Val Tyr Gly Glu Lys Ile Val Lys Ile Met Asp Leu Ala Ile Lys Thr
115                   120                   125                   130
ggt gtc ccc ctc atc ggc atc aac gag ggc gcc ggc gcc cgc atc cag   849
Gly Val Pro Leu Ile Gly Ile Asn Glu Gly Ala Gly Ala Arg Ile Gln
                        135                   140                   145
gaa ggc gtt gtc tcc ctg ggc ctg tac tcc cag atc ttc tac cgc aac   897
Glu Gly Val Val Ser Leu Gly Leu Tyr Ser Gln Ile Phe Tyr Arg Asn
                        150                   155                   160
acc cag gca tcc ggt gtc atc cca cag atc tcc ctc atc atg ggt gcc   945
Thr Gln Ala Ser Gly Val Ile Pro Gln Ile Ser Leu Ile Met Gly Ala
                        165                   170                   175
tgc gcc ggt ggc cat gtg tac tcc ccc gcc ctg acc gac ttc atc atc   993
Cys Ala Gly Gly His Val Tyr Ser Pro Ala Leu Thr Asp Phe Ile Ile
                        180                   185                   190
atg gtg gac aag acc tcc aag atg ttc atc acc ggc ccc gac gtg atc   1041
```

```
Met Val Asp Lys Thr Ser Lys Met Phe Ile Thr Gly Pro Asp Val Ile
195             200             205             210

aag acc gtc acc ggc gag gag gtc acc cag gag gaa ctg ggt ggt gcc    1089
Lys Thr Val Thr Gly Glu Glu Val Thr Gln Glu Glu Leu Gly Gly Ala
                215             220             225

tac acc cac atg gcc cag tcc ggc acc tcg cac tac acc gca gcc gat    1137
Tyr Thr His Met Ala Gln Ser Gly Thr Ser His Tyr Thr Ala Ala Asp
                230             235             240

gac tcc gat gcc ctc gac tgg gtc cgt gag ctg gtc agc tac ctg ccg    1185
Asp Ser Asp Ala Leu Asp Trp Val Arg Glu Leu Val Ser Tyr Leu Pro
                245             250             255

tcc aac aac cgt gcg gag acc cca cgc cag gac gcc gac atc atg gtg    1233
Ser Asn Asn Arg Ala Glu Thr Pro Arg Gln Asp Ala Asp Ile Met Val
        260             265             270

ggc tcc atc aag gag aac atc acc gag acc gac ctc gaa ctc gac acc    1281
Gly Ser Ile Lys Glu Asn Ile Thr Glu Thr Asp Leu Glu Leu Asp Thr
275             280             285             290

ctg atc ccg gat tcc ccg aac cag ccg tac gac atg aag gac gtc atc    1329
Leu Ile Pro Asp Ser Pro Asn Gln Pro Tyr Asp Met Lys Asp Val Ile
                295             300             305

acc cgc atc gtc gat gat gcc gag ttc ttc gag atc cag gag ggt tac    1377
Thr Arg Ile Val Asp Asp Ala Glu Phe Phe Glu Ile Gln Glu Gly Tyr
                310             315             320

gcc gag aac atc atc tgc ggt ttc gcc cgc gtc gag ggt cgt gcc gtg    1425
Ala Glu Asn Ile Ile Cys Gly Phe Ala Arg Val Glu Gly Arg Ala Val
                325             330             335

ggt atc gtg gcc aac cag ccg atg cag ttc gcc ggc tgc ctg gac atc    1473
Gly Ile Val Ala Asn Gln Pro Met Gln Phe Ala Gly Cys Leu Asp Ile
        340             345             350
```

aag gca tcc gag aag gcc gcc cgc ttc atc cgc acc tgt gac gcc ttc   1521
Lys Ala Ser Glu Lys Ala Ala Arg Phe Ile Arg Thr Cys Asp Ala Phe
355   360   365   370

aac atc ccg atc atc gag ctt gtc gac gtc cca ggc ttc ctc ccg ggc   1569
Asn Ile Pro Ile Ile Glu Leu Val Asp Val Pro Gly Phe Leu Pro Gly
        375   380   385

acc aac cag gag ttc gac ggc atc atc cgt cgc ggc gcg aag ctg ctc   1617
Thr Asn Gln Glu Phe Asp Gly Ile Ile Arg Arg Gly Ala Lys Leu Leu
        390   395   400

tac gcc tac gcc gag gcc acc gtc ggc aag atc acc gtg atc acc cgc   1665
Tyr Ala Tyr Ala Glu Ala Thr Val Gly Lys Ile Thr Val Ile Thr Arg
        405   410   415

aag tcc tac ggc ggt gcc tac tgc gtg atg ggc tcc aag gac atg ggt   1713
Lys Ser Tyr Gly Gly Ala Tyr Cys Val Met Gly Ser Lys Asp Met Gly
        420   425   430

gcg gac ctc gtc ttc gca tgg ccc acc gcg cag atc gcc gtc atg ggt   1761
Ala Asp Leu Val Phe Ala Trp Pro Thr Ala Gln Ile Ala Val Met Gly
435   440   445   450

gcc tcc ggt gcc gtc ggc ttc atc tac cgc aag gag ctc aag cag gct   1809
Ala Ser Gly Ala Val Gly Phe Ile Tyr Arg Lys Glu Leu Lys Gln Ala
        455   460   465

gca gcg gcc ggc gag gat gtc acc gcg ctg atg aag aag tac gag cag   1857
Ala Ala Ala Gly Glu Asp Val Thr Ala Leu Met Lys Lys Tyr Glu Gln
        470   475   480

gag tac gag gag acc ctg gtc aac ccg tac atg gct gca gag cgt ggc   1905
Glu Tyr Glu Glu Thr Leu Val Asn Pro Tyr Met Ala Ala Glu Arg Gly
        485   490   495

tac gtc gac gcc gtc atc cca cca tcc gag acc cgt ggt cag atc atc   1953
Tyr Val Asp Ala Val Ile Pr Pr Ser Glu Thr Arg Gly Gln Ile Ile

```
            500                    505                    510
gag ggt ctg cgt ctg ctc gac cgc aag gtg gtc aac gtc ccg gcc aag    2001
Glu Gly Leu Arg Leu Leu Asp Arg Lys Val Val Asn Val Pro Ala Lys
    515                    520                    525                    530
aag cac ggt aac atc ccg ctg taaaccgtct tcccctccgg caccacgccg    2052
Lys His Gly Asn Ile Pro Leu
                    535
gagaaggctt tgtccgcagc tgtc                                         2076
```

[0074]

<210> 8

<211> 537

<212> PRT

<213> Corynebacterium thermoaminogenes

<400> 8

```
Met Thr Ala Ala Thr Thr Ala Pro Asp Leu Thr Thr Thr Ala Gly Lys
  1               5                  10                 15
Leu Ala Asp Leu Arg Ala Arg Leu Ser Glu Thr Gln Ala Pro Met Gly
                 20                 25                 30
Gln Ala Ser Val Glu Lys Val His Glu Ala Gly Lys Lys Thr Ala Arg
                 35                 40                 45
Glu Arg Ile Glu Tyr Leu Leu Asp Glu Gly Ser Phe Val Glu Val Asp
    50                 55                 60
Ala Leu Ala Arg His Arg Ser Lys Asn Phe Gly Leu Asp Ser Lys Arg
 65                 70                 75                 80
Pro Val Thr Asp Gly Val Val Thr Gly Tyr Gly Thr Ile Asp Gly Arg
                 85                 90                 95
Lys Val Cys Val Phe Ser Gln Asp Gly Ala Ile Phe Gly Gly Ala Leu
                100                105                110
```

Gly Glu Val Tyr Gly Glu Lys Ile Val Lys Ile Met Asp Leu Ala Ile
     115   120   125

Lys Thr Gly Val Pro Leu Ile Gly Ile Asn Glu Gly Ala Gly Ala Arg
     130   135   140

Ile Gln Glu Gly Val Val Ser Leu Gly Leu Tyr Ser Gln Ile Phe Tyr
 145   150   155   160

Arg Asn Thr Gln Ala Ser Gly Val Ile Pro Gln Ile Ser Leu Ile Met
         165   170   175

Gly Ala Cys Ala Gly Gly His Val Tyr Ser Pro Ala Leu Thr Asp Phe
         180   185   190

Ile Ile Met Val Asp Lys Thr Ser Lys Met Phe Ile Thr Gly Pro Asp
         195   200   205

Val Ile Lys Thr Val Thr Gly Glu Glu Val Thr Gln Glu Glu Leu Gly
     210   215   220

Gly Ala Tyr Thr His Met Ala Gln Ser Gly Thr Ser His Tyr Thr Ala
225   230   235   240

Ala Asp Asp Ser Asp Ala Leu Asp Trp Val Arg Glu Leu Val Ser Tyr
         245   250   255

Leu Pro Ser Asn Asn Arg Ala Glu Thr Pro Arg Gln Asp Ala Asp Ile
         260   265   270

Met Val Gly Ser Ile Lys Glu Asn Ile Thr Glu Thr Asp Leu Glu Leu
         275   280   285

Asp Thr Leu Ile Pro Asp Ser Pro Asn Gln Pro Tyr Asp Met Lys Asp
         290   295   300

Val Ile Thr Arg Ile Val Asp Asp Ala Glu Phe Phe Glu Ile Gln Glu
305   310   315   320

Gly Tyr Ala Glu Asn Ile Ile Cys Gly Phe Ala Arg Val Glu Gly Arg
         325   330   335

Ala Val Gly Ile Val Ala Asn Gln Pr Met Gln Phe Ala Gly Cys Leu

```
                340                    345                    350
Asp Ile Lys Ala Ser Glu Lys Ala Ala Arg Phe Ile Arg Thr Cys Asp
                355                    360                    365
Ala Phe Asn Ile Pro Ile Ile Glu Leu Val Asp Val Pro Gly Phe Leu
                370                    375                    380
Pro Gly Thr Asn Gln Glu Phe Asp Gly Ile Ile Arg Arg Gly Ala Lys
385                    390                    395                    400
Leu Leu Tyr Ala Tyr Ala Glu Ala Thr Val Gly Lys Ile Thr Val Ile
                            405                    410                    415
Thr Arg Lys Ser Tyr Gly Gly Ala Tyr Cys Val Met Gly Ser Lys Asp
                420                    425                    430
Met Gly Ala Asp Leu Val Phe Ala Trp Pro Thr Ala Gln Ile Ala Val
                435                    440                    445
Met Gly Ala Ser Gly Ala Val Gly Phe Ile Tyr Arg Lys Glu Leu Lys
                450                    455                    460
Gln Ala Ala Ala Ala Gly Glu Asp Val Thr Ala Leu Met Lys Lys Tyr
465                    470                    475                    480
Glu Gln Glu Tyr Glu Glu Thr Leu Val Asn Pro Tyr Met Ala Ala Glu
                            485                    490                    495
Arg Gly Tyr Val Asp Ala Val Ile Pro Pro Ser Glu Thr Arg Gly Gln
                500                    505                    510
Ile Ile Glu Gly Leu Arg Leu Leu Asp Arg Lys Val Val Asn Val Pro
                515                    520                    525
Ala Lys Lys His Gly Asn Ile Pro Leu
                530                    535
```

[0075]

<210> 9

<211> 1643

<212> DNA

<213> Corynebacterium thermoaminogenes

<220>

<221> CDS

<222> (326)..(1363)

<400> 9

```
agcgcgccgg cagccaccag tgggatcgtg cccagcggac ggatgccgga ttcacggcgg 60
tcagccaccc gccgatgaga cctgcagcga caacggtggc ggtgctgacc tggtcagcgt 120
ctttgagttt catatccatg tcagacagtc taaccactct ctccgacgcg tccgaacatg 180
ctggggtggc ggacaccatg tccgttcggg cgttgccccg acggggaaa atcgcaggca 240
gatgtgtccg atgtgggata aacccaccgg ttcgggcgtg tcttcgggat caatggcaca 300
gcattaaccg tgtggggggt ttaat atg gga gcc atg cga att gcc act ctc     352
                                Met Gly Ala Met Arg Ile Ala Thr Leu
                                 1               5

acg tca ggc ggc gac tgc ccc gga ctc aat gct gtc atc agg gga atc     400
Thr Ser Gly Gly Asp Cys Pro Gly Leu Asn Ala Val Ile Arg Gly Ile
 10              15                  20                  25

gtc cgt acc gca agt aat gaa ttc ggt tcc acc gtc gtg ggt tat cag     448
Val Arg Thr Ala Ser Asn Glu Phe Gly Ser Thr Val Val Gly Tyr Gln
                30                  35                  40

gac ggc tgg gag ggc ctg ctg gcg gac cga cgt gtt cag ctc tat gac     496
Asp Gly Trp Glu Gly Leu Leu Ala Asp Arg Arg Val Gln Leu Tyr Asp
                45                  50                  55

gat gag gac atc gac cgc atc ctg ctc cgc ggt gga aca atc ctg ggc     544
Asp Glu Asp Ile Asp Arg Ile Leu Leu Arg Gly Gly Thr Ile Leu Gly
                60                  65                  70

acc ggt cgt ctc cac ccc gac aag ttc aga gcc gga atc gac cag gtc     592
Thr Gly Arg Leu His Pro Asp Lys Phe Arg Ala Gly Ile Asp Gln Val
```

```
            75                      80                      85
aag gcg aat ctc gcc gat gcg gga att gac gca ctc atc ccg atc ggt      640
Lys Ala Asn Leu Ala Asp Ala Gly Ile Asp Ala Leu Ile Pro Ile Gly

            90              95              100             105
ggc gag ggc acc ctc aag gga gcg aag tgg ctc gcc gac aac ggc atc      688
Gly Glu Gly Thr Leu Lys Gly Ala Lys Trp Leu Ala Asp Asn Gly Ile

                    110             115             120
ccc gtg gtc ggt gtc ccg aaa acc atc gac aat gat gtc aac ggc acg      736
Pro Val Val Gly Val Pro Lys Thr Ile Asp Asn Asp Val Asn Gly Thr

                    125             130             135
gat ttc acc ttc ggt ttc gat tcc gcg gtc tct gtg gcc acc gac gcc      784
Asp Phe Thr Phe Gly Phe Asp Ser Ala Val Ser Val Ala Thr Asp Ala

                    140             145             150
atc gac cgg ctg cac acc acg gcg gaa tcc cac aac cgt gtg atg atc      832
Ile Asp Arg Leu His Thr Thr Ala Glu Ser His Asn Arg Val Met Ile

                    155             160             165
gtc gag gtc atg ggc cgc cac gtc ggt tgg atc gca ctg cat gcc ggc      880
Val Glu Val Met Gly Arg His Val Gly Trp Ile Ala Leu His Ala Gly

            170             175             180             185
atg gcc ggt gga gcc cac tac acc gtc atc ccc gag gtg ccc ttc gac      928
Met Ala Gly Gly Ala His Tyr Thr Val Ile Pro Glu Val Pro Phe Asp

                    190             195             200
atc tcg gag atc tgc aag cgt atg gaa cgt cgc ttc cag atg ggg gag      976
Ile Ser Glu Ile Cys Lys Arg Met Glu Arg Arg Phe Gln Met Gly Glu

                    205             210             215
aag tac ggc atc atc gtc gtc gcg gag ggt gcc ctg ccc aag gag gga      1024
Lys Tyr Gly Ile Ile Val Val Ala Glu Gly Ala Leu Pro Lys Glu Gly

                    220             225             230
acc atg gag ctg cgt gag ggg gag gtg gat cag ttc ggt cac aag acc      1072
```

Thr Met Glu Leu Arg Glu Gly Glu Val Asp Gln Phe Gly His Lys Thr
    235   240   245

ttc acc ggc atc ggc cag cag atc gcc gac gag gtg cac agg cgt ctg   1120
Phe Thr Gly Ile Gly Gln Gln Ile Ala Asp Glu Val His Arg Arg Leu
250   255   260   265

ggt cat gat gtc cgc acc acg gtc ctg ggc cat atc cag cgt ggt ggc   1168
Gly His Asp Val Arg Thr Thr Val Leu Gly His Ile Gln Arg Gly Gly
         270   275   280

acc ccc acc gcc ttc gac cgt gtc ctg gcc acc cgg tac ggt gtc cgc   1216
Thr Pro Thr Ala Phe Asp Arg Val Leu Ala Thr Arg Tyr Gly Val Arg
         285   290   295

gcc gcg cgt gcc tgc cac gag ggt cag ttc aac acc gtg gtc gcg ctc   1264
Ala Ala Arg Ala Cys His Glu Gly Gln Phe Asn Thr Val Val Ala Leu
         300   305   310

aag ggg gag cgc atc cgg atg atc tcc ttc gat gag gcc gtg ggc acc   1312
Lys Gly Glu Arg Ile Arg Met Ile Ser Phe Asp Glu Ala Val Gly Thr
    315   320   325

ctg aag aag gtg ccg atg gaa cgc tgg gtg acc gcc cag gct atg ttc   1360
Leu Lys Lys Val Pro Met Glu Arg Trp Val Thr Ala Gln Ala Met Phe
330   335   340   345

ggt tagtcaggcc gcattcccgg ttccgcgccc gcggggccgg gttttttcat   1413
Gly

gccccggaac acatcggtat gaaatcgtga tatgcattac ttgacgggga agtggggggat 1473
ccgtcacctc gcgttgtcca actacagccc gcagcgcctg cgggaattct tcgagcaatc 1533
cgccgattcc ccggcccgtc ccgtcgccgt ccaaccgcag tacaatctgc tggcccgccg 1593
ggattatgag accggtatcc gcccggtcgt ggacgagttc ggtcccgcgg   1643

【００７６】

<210> 10

<211> 346

<212> PRT

<213> Corynebacterium thermoaminogenes

<400> 10

Met Gly Ala Met Arg Ile Ala Thr Leu Thr Ser Gly Gly Asp Cys Pro
1   5   10   15

Gly Leu Asn Ala Val Ile Arg Gly Ile Val Arg Thr Ala Ser Asn Glu
                20   25   30

Phe Gly Ser Thr Val Val Gly Tyr Gln Asp Gly Trp Glu Gly Leu Leu
            35   40   45

Ala Asp Arg Arg Val Gln Leu Tyr Asp Asp Glu Asp Ile Asp Arg Ile
            50   55   60

Leu Leu Arg Gly Gly Thr Ile Leu Gly Thr Gly Arg Leu His Pro Asp
65   70   75   80

Lys Phe Arg Ala Gly Ile Asp Gln Val Lys Ala Asn Leu Ala Asp Ala
                85   90   95

Gly Ile Asp Ala Leu Ile Pro Ile Gly Gly Glu Gly Thr Leu Lys Gly
            100   105   110

Ala Lys Trp Leu Ala Asp Asn Gly Ile Pro Val Val Gly Val Pro Lys
            115   120   125

Thr Ile Asp Asn Asp Val Asn Gly Thr Asp Phe Thr Phe Gly Phe Asp
            130   135   140

Ser Ala Val Ser Val Ala Thr Asp Ala Ile Asp Arg Leu His Thr Thr
145   150   155   160

Ala Glu Ser His Asn Arg Val Met Ile Val Glu Val Met Gly Arg His
                165   170   175

Val Gly Trp Ile Ala Leu His Ala Gly Met Ala Gly Gly Ala His Tyr
            180   185   190

Thr Val Ile Pr Glu Val Pro Phe Asp Ile Ser Glu Ile Cys Lys Arg

```
            195                    200                    205
Met Glu Arg Arg Phe Gln Met Gly Glu Lys Tyr Gly Ile Ile Val Val
            210                    215                    220
Ala Glu Gly Ala Leu Pro Lys Glu Gly Thr Met Glu Leu Arg Glu Gly
            225                    230                    235        240
Glu Val Asp Gln Phe Gly His Lys Thr Phe Thr Gly Ile Gly Gln Gln
                        245                    250                    255
Ile Ala Asp Glu Val His Arg Arg Leu Gly His Asp Val Arg Thr Thr
                260                    265                    270
Val Leu Gly His Ile Gln Arg Gly Gly Thr Pro Thr Ala Phe Asp Arg
                275                    280                    285
Val Leu Ala Thr Arg Tyr Gly Val Arg Ala Ala Arg Ala Cys His Glu
            290                    295                    300
Gly Gln Phe Asn Thr Val Val Ala Leu Lys Gly Glu Arg Ile Arg Met
305                    310                    315                    320
Ile Ser Phe Asp Glu Ala Val Gly Thr Leu Lys Lys Val Pro Met Glu
                        325                    330                    335
Arg Trp Val Thr Ala Gln Ala Met Phe Gly
                        340                    345
```

【００７７】

<210> 11

<211> 498

<212> DNA

<213> Corynebacterium thermoaminogenes

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(498)

<400> 11

```
tac tac cag cac gat cca ggt ttc ccc ttc gca cca aag cgc acc ggt    48
Tyr Tyr Gln His Asp Pro Gly Phe Pro Phe Ala Pro Lys Arg Thr Gly
 1               5                   10                  15

tgg gct cac acc acc acg ccg ttg acc gga ccg cag cga ttg cag tgg    96
Trp Ala His Thr Thr Thr Pro Leu Thr Gly Pro Gln Arg Leu Gln Trp
                20                  25                  30

acg cac ctg ccc gat gct ctt tac ccg gat gta tcc tat gac ctg gat   144
Thr His Leu Pro Asp Ala Leu Tyr Pro Asp Val Ser Tyr Asp Leu Asp
                35                  40                  45

gga tgc tat tcc ggc gga gcc gta ttt tct gac ggc acg ctt aaa ctt   192
Gly Cys Tyr Ser Gly Gly Ala Val Phe Ser Asp Gly Thr Leu Lys Leu
        50                  55                  60

ttc tac acc ggc aac cga aaa att gac ggc aag cgc cgc gcc acc caa   240
Phe Tyr Thr Gly Asn Arg Lys Ile Asp Gly Lys Arg Arg Ala Thr Gln
65                  70                  75                  80

aac ctc gtc gaa gtc gag gac cca act ggg ctg atg ggc ggc att cat   288
Asn Leu Val Glu Val Glu Asp Pro Thr Gly Leu Met Gly Gly Ile His
                85                  90                  95

cgc cgc tcg cct aaa aat ccg ctt atc gac gga ccc gcc agc ggt ttt   336
Arg Arg Ser Pro Lys Asn Pro Leu Ile Asp Gly Pro Ala Ser Gly Phe
                100                 105                 110

acg ccc cac tac cgc gat ccc atg atc agc cct gat ggg gat ggt tgg   384
Thr Pro His Tyr Arg Asp Pro Met Ile Ser Pro Asp Gly Asp Gly Trp
                115                 120                 125

aag atg gtt ctt ggg gct cag cgc gaa aac ctc acc ggt gca gcg gtt   432
Lys Met Val Leu Gly Ala Gln Arg Glu Asn Leu Thr Gly Ala Ala Val
        130                 135                 140

cta tac cgc tcg gca gat ctt gaa aac tgg gaa ttc tcc ggt gaa atc   480
```

Leu Tyr Arg S r Ala Asp Leu Glu Asn Trp Glu Phe Ser Gly Glu Ile
145   150   155   160

acc ttt gac ctc agc gac   498

Thr Phe Asp Leu Ser Asp

                165

[0078]

<210> 12

<211> 166

<212> PRT

<213> Corynebacterium thermoaminogenes

<400> 12

Tyr Tyr Gln His Asp Pro Gly Phe Pro Phe Ala Pro Lys Arg Thr Gly
1   5   10   15

Trp Ala His Thr Thr Thr Pro Leu Thr Gly Pro Gln Arg Leu Gln Trp
                20   25   30

Thr His Leu Pro Asp Ala Leu Tyr Pro Asp Val Ser Tyr Asp Leu Asp
                35   40   45

Gly Cys Tyr Ser Gly Gly Ala Val Phe Ser Asp Gly Thr Leu Lys Leu
                50   55   -   60

Phe Tyr Thr Gly Asn Arg Lys Ile Asp Gly Lys Arg Arg Ala Thr Gln
65   70   75   80

Asn Leu Val Glu Val Glu Asp Pro Thr Gly Leu Met Gly Gly Ile His
                85   90   95

Arg Arg Ser Pro Lys Asn Pro Leu Ile Asp Gly Pro Ala Ser Gly Phe
                100   105   110

Thr Pro His Tyr Arg Asp Pro Met Ile Ser Pro Asp Gly Asp Gly Trp
                115   120   125

Lys Met Val Leu Gly Ala Gln Arg Glu Asn Leu Thr Gly Ala Ala Val

```
          130                    135                    140
Leu Tyr Arg Ser Ala Asp Leu Glu Asn Trp Glu Phe Ser Gly Glu Ile
145                    150                    155                    160
Thr Phe Asp Leu Ser Asp
                165
```

【００７９】

<210> 13

<211> 479

<212> DNA

<213> Corynebacterium thermoaminogenes

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(477)

<400> 13

```
tac tac cag cac gat cca ggt ttc ccc ttc gca cca aag cgc acc ggc    48
Tyr Tyr Gln His Asp Pro Gly Phe Pro Phe Ala Pro Lys Arg Thr Gly
 1               5                   10                  15

tgg gct cac acc acc acg ccg ttg acc gga ccg cag cga ttg cag tgg    96
Trp Ala His Thr Thr Thr Pro Leu Thr Gly Pro Gln Arg Leu Gln Trp
              20                  25                  30

acg cac ctg ccc gac gct ctt tac ccg gat gca tcc tat gac ctg gat   144
Thr His Leu Pro Asp Ala Leu Tyr Pro Asp Ala Ser Tyr Asp Leu Asp
              35                  40                  45

gga tgc tat tcc ggt gga gcc gta ttt act gac ggc aca ctt aaa ctt   192
Gly Cys Tyr Ser Gly Gly Ala Val Phe Thr Asp Gly Thr Leu Lys Leu
        50                  55                  60

ttc tac acc ggc aac cta aaa att gac ggc aag cgc cgc gcc acc caa   240
```

Phe Tyr Thr Gly Asn Leu Lys Ile Asp Gly Lys Arg Arg Ala Thr Gln

65   70   75   80

aac ctc gtc gaa gtc gag gac cca act ggg ctg atg ggc ggc att cat 288

Asn Leu Val Glu Val Glu Asp Pro Thr Gly Leu Met Gly Gly Ile His

         85   90   95

cgc cgt tcg cct aaa aat ccg ctt atc gac gga ccc gcc agc ggt ttc 336

Arg Arg Ser Pro Lys Asn Pro Leu Ile Asp Gly Pro Ala Ser Gly Phe

        100   105   110

aca ccc cat tac cgc gat ccc atg atc agc cct gat ggt gat ggt tgg 384

Thr Pro His Tyr Arg Asp Pro Met Ile Ser Pro Asp Gly Asp Gly Trp

        115   120   125

aaa atg gtt ctt ggg gcc caa cgc gaa aac ctc acc ggt gca gcg gtt 432

Lys Met Val Leu Gly Ala Gln Arg Glu Asn Leu Thr Gly Ala Ala Val

        130   135   140

cta tac cgc tcg aca gat ctt gaa aac tgg gaa ttc tcc ggt gaa at 479

Leu Tyr Arg Ser Thr Asp Leu Glu Asn Trp Glu Phe Ser Gly Glu

145   150   155

[0080]

<210> 14

<211> 159

<212> PRT

<213> Corynebacterium thermoaminogenes

<400> 14

Tyr Tyr Gln His Asp Pro Gly Phe Pro Phe Ala Pro Lys Arg Thr Gly

1   5   10   15

Trp Ala His Thr Thr Thr Pr Leu Thr Gly Pro Gln Arg Leu Gln Trp

       20   25   30

Thr His Leu Pro Asp Ala Leu Tyr Pr Asp Ala Ser Tyr Asp Leu Asp

```
            35                    40                    45
Gly Cys Tyr Ser Gly Gly Ala Val Phe Thr Asp Gly Thr Leu Lys Leu

       50                    55                    60
Phe Tyr Thr Gly Asn Leu Lys Ile Asp Gly Lys Arg Arg Ala Thr Gln

   65                    70                    75                    80
Asn Leu Val Glu Val Glu Asp Pro Thr Gly Leu Met Gly Gly Ile His   ・・・

                85                    90                    95
Arg Arg Ser Pro Lys Asn Pro Leu Ile Asp Gly Pro Ala Ser Gly Phe

                100                   105                   110
Thr Pro His Tyr Arg Asp Pro Met Ile Ser Pro Asp Gly Asp Gly Trp

                115                   120                   125
Lys Met Val Leu Gly Ala Gln Arg Glu Asn Leu Thr Gly Ala Ala Val

       130               ―― 135                   140
Leu Tyr Arg Ser Thr Asp Leu Glu Asn Trp Glu Phe Ser Gly Glu

145                   150                   155
```

【００８１】

<210> 15

<211> 490

<212> DNA

<213> Corynebacterium thermoaminogenes

<400> 15

```
attttaatgg atattatcta tattttatca atattatcct tatgcacctg aatggggacc 60

aatgcattgg ggacacgcac gtagtaaaga tttagttcat tgggaaacat taccgattgc 120

tttagaacct ggagatgaag aagaaaaatg gttgtttctc tggtacaggt atagtcaaag 180

atgataagtt gtatttattt tatacaggtc accattatta taatgacgat gatcccgatc 240

attttggca aaatcaaaat atggcttata gtgaagatgg cattcatttt caaaaatata 300

aacaaaatgc aatcattcct accccacctg aagataatac acatcacttc agagatccaa 360

aggtatggga acatccatgg cttattatta catgatagta ggtagtcaaa atgatagaga 420

attaggacgt attatcttat atcgttctga ggatttatag aggggaattc tggtcctgag 480
```

490

atcaatccaa

【０ ０ ８ ２】

<210> 16

<211> 4254

<212> DNA

<213> Corynebacterium thermoaminogenes

<220>

<221> CDS

<222> (637)..(1362)

<220>

<221> CDS

<222> (1434)..(2315)

<220>

<221> CDS

<222> (2432)..(3115)

<220>

<221> CDS

<222> (3235)..(4065)

<400> 16

tcacggcgcg cagattaccc agtgtgccgt agagacgctg atcggcattc tcacgcaccg 60

cgcaggtgtt gaagacgatg agatcagggg tgtcaccctc ccccgccgcg gtgtaaccgg 120

cctcctcgag cagaccggag agacgctcgg aatcgtggac gttcatctgg cagccgaagg 180

tacgcacctc ataggtgcgg gcagtggtgc cctcccggtt cccccgcgcc gggagggtgt 240

cggcggggtg gtccgggtgg gatggatggg tgttcatctg gtgggtatca atctgctgcg 300

tcacgggagg taattgtatc ggccgcgggc accctgacat aaacgtccga tccagaggaa 360

```
cgcaaccccg tggagtgtcg cagccatgca ggttgggcaa caccgtaacg gaacctagca 420

gagtggtagg attgacttca cattctttac ctattgagct attgataaaa tccgggcgga 480

aatggaaatc accccacaa atcaccccaa ctgacctgtg gaaagggcga gaaatccagg 540

gaaattcatt tcaaaatgga ctcaatcaca ggatttaccc cacatgaccc aacattcctt 600

tatgctatcc ccatgacgca gaccacaaat cacccg atg atc aag atg acg ggg    654
                                       Met Ile Lys Met Thr Gly
                                        1               5

gtg cag aag ttc ttc gat gac ttc cag gcc ctg acc gat atc aat ctt    702
Val Gln Lys Phe Phe Asp Asp Phe Gln Ala Leu Thr Asp Ile Asn Leu
         10              15              20

gag gtc ccc gcg gga cag gtc gtt gtt gtt ctc ggc ccg tcc ggt tcc    750
Glu Val Pro Ala Gly Gln Val Val Val Val Leu Gly Pro Ser Gly Ser
         25              30              35

gga aag tcg acg ctg tgc cgc acc atc aac cgc ctc gaa acc atc gag    798
Gly Lys Ser Thr Leu Cys Arg Thr Ile Asn Arg Leu Glu Thr Ile Glu
         40              45              50

gag gga acc atc gag atc gat gga aaa ctg ctt ccg gag gag ggc aag    846
Glu Gly Thr Ile Glu Ile Asp Gly Lys Leu Leu Pro Glu Glu Gly Lys
55              60              65              70

gac ctg gcc aag atc cgt gcc gac gtg ggc atg gtg ttc cag tct ttc    894
Asp Leu Ala Lys Ile Arg Ala Asp Val Gly Met Val Phe Gln Ser Phe
             75              80              85

aac ctc ttc ccc cac ctc acc atc aag gac aat gtc acc ctc ggc ccg    942
Asn Leu Phe Pro His Leu Thr Ile Lys Asp Asn Val Thr Leu Gly Pro
             90              95              100

atg aag gtc cgg aag atg aag aag tcc gag gcc aat gag gtg gcc atg    990
Met Lys Val Arg Lys Met Lys Lys Ser Glu Ala Asn Glu Val Ala Met
         105             110             115

aag ctg ttg gaa cgc gtc ggc atc gcc aac cag gcc gag aaa tac ccg    1038
```

Lys Leu Leu Glu Arg Val Gly Ile Ala Asn Gln Ala Glu Lys Tyr Pro
      120   125   130

gca cag ctc tcg ggc ggg cag cag cag cgc gtg gcc atc gcc cgc gca   1086
Ala Gln Leu Ser Gly Gly Gln Gln Gln Arg Val Ala Ile Ala Arg Ala
135   140   145   150

ctg gcg atg aac ccc aag atc atg ctt ttc gac gaa cca acc tcc gcc   1134
Leu Ala Met Asn Pro Lys Ile Met Leu Phe Asp Glu Pro Thr Ser Ala
          155   160   165

ctc gac ccc gag atg gtc aac gag gtt ctg gac gtc atg gcg agt ctg   1182
Leu Asp Pro Glu Met Val Asn Glu Val Leu Asp Val Met Ala Ser Leu
          170   175   180

gcc aag gaa ggc atg acc atg gtg tgt gtc acc cac gag atg ggt ttc   1230
Ala Lys Glu Gly Met Thr Met Val Cys Val Thr His Glu Met Gly Phe
          185   190   195

gca cgc agg gcc gca gac cgt gtg ctg ttc atg tct gac ggc gcc atc   1278
Ala Arg Arg Ala Ala Asp Arg Val Leu Phe Met Ser Asp Gly Ala Ile
      200   205   210

gtc gag gac tcc gac ccg gag acc ttc ttc acc aat cca caa acc gac   1326
Val Glu Asp Ser Asp Pro Glu Thr Phe Phe Thr Asn Pro Gln Thr Asp
215   220   225   230

cgg gcg aag gat ttc ctg ggc aag atc ctc gcc cac tgacctcccc   1372
Arg Ala Lys Asp Phe Leu Gly Lys Ile Leu Ala His
          235   240

tcactctgtg tccaactccc ccgctggcca aaatcagcga ccatgaccaa caggagcatc 1432
a atg tcg cac aaa cgc atg ttc acc cgt ctc gcc gca gcc acc agc gca   1481
   Met Ser His Lys Arg Met Phe Thr Arg Leu Ala Ala Ala Thr Ser Ala
      245   250   255

gct gtt ctc gcc ggc atc acc ctc acc gcc tgt ggt gat tcc gag ggt   1529
Ala Val Leu Ala Gly Ile Thr Leu Thr Ala Cys Gly Asp Ser Glu Gly

```
        260                265                270
ggt gac ggt ctg ctc gcc gcc atc gaa aat ggc aat gtc acc atc ggc    1577
Gly Asp Gly Leu Leu Ala Ala Ile Glu Asn Gly Asn Val Thr Ile Gly
275                280                285                290
acc aag tac gat cag ccg ggt ctg gga ctg cgt aac ccg gac aat tcc    1625
Thr Lys Tyr Asp Gln Pro Gly Leu Gly Leu Arg Asn Pro Asp Asn Ser
                   295                300                305
atg agc gga ctg gat gtc gac gtc gcg cag tac gtg gtc aac tcc atc    1673
Met Ser Gly Leu Asp Val Asp Val Ala Gln Tyr Val Val Asn Ser Ile
                   310                315                320
gcc gat gac aac ggt tgg gat cac ccc acc gtg gaa tgg cgc gag acc    1721
Ala Asp Asp Asn Gly Trp Asp His Pro Thr Val Glu Trp Arg Glu Thr
                   325                330                335
ccc tcc gcc cag cgc gag acc ctc atc cag aac ggt gag gtg gat atg    1769
Pro Ser Ala Gln Arg Glu Thr Leu Ile Gln Asn Gly Glu Val Asp Met
                   340                345                350
atc gcc gca acc tac tcc atc aac ccc gga cgc tcc gaa tcg gtg aac    1817
Ile Ala Ala Thr Tyr Ser Ile Asn Pro Gly Arg Ser Glu Ser Val Asn
355                360                365                370
ttc ggt gga cca tac ctc ctc acc cac cag gcc ctc ctg gtc cgc gag    1865
Phe Gly Gly Pro Tyr Leu Leu Thr His Gln Ala Leu Leu Val Arg Glu
                   375                380                385
gac gat gac cgc atc cag acc ctc gag gac ctc gat gac ggc ctg atc    1913
Asp Asp Asp Arg Ile Gln Thr Leu Glu Asp Leu Asp Asp Gly Leu Ile
                   390                395                400
ctg tgt tcc gtt acc gga tcc acc ccc gcc cag aag gtc aag gat gtc    1961
Leu Cys Ser Val Thr Gly Ser Thr Pr  Ala Gln Lys Val Lys Asp Val
405                410                415
ctc ccc ggc gtc cag ctg cag gaa tac gac acc tac tcc tcc tgt gtg    2009
```

Leu Pro Gly Val Gln Leu Gln Glu Tyr Asp Thr Tyr Ser Ser Cys Val
    420   425   430

gag gca ctg agc cag ggc aac gtc gat gca atg acc acc gac gcc acc   2057
Glu Ala Leu Ser Gln Gly Asn Val Asp Ala Met Thr Thr Asp Ala Thr
435   440   445   450

atc ctc ttc ggc tac gcg cag cag cgc gaa ggt gaa ttc cgc gtc gtg   2105
Ile Leu Phe Gly Tyr Ala Gln Gln Arg Glu Gly Glu Phe Arg Val Val
        455   460   465

gag atg gaa cag gac ggc gag ccg ttc acc aat gag tac tac ggc atc   2153
Glu Met Glu Gln Asp Gly Glu Pro Phe Thr Asn Glu Tyr Tyr Gly Ile
        470   475   480

ggt atc acc aag gat gac acc gaa gcc acc gat gcg atc aac gca gcg   2201
Gly Ile Thr Lys Asp Asp Thr Glu Ala Thr Asp Ala Ile Asn Ala Ala
        485   490   495

ttg gag cgt atg tac gcc gac ggt tcc ttc cag cgt ttc ctc acc gag   2249
Leu Glu Arg Met Tyr Ala Asp Gly Ser Phe Gln Arg Phe Leu Thr Glu
    500   505   510

aac ctc ggc gag gat tcc cag gtt gtc cag gag ggc acc ccg ggt gac   2297
Asn Leu Gly Glu Asp Ser Gln Val Val Gln Glu Gly Thr Pro Gly Asp
515   520   525   530

ctc tcc ttc ctg gac gag tgacctgacg gggccgaacg cccgatgagc   2345
Leu Ser Phe Leu Asp Glu
        535

atgcgtggcc cccgcatccc ggggtgccac gcatcatcac tttcaccact gatcccctac 2405

cgttccttac cgaggagaaa ttcccc atg agt aca tta tgg gcg gat ctg ggt   2458
                            Met Ser Thr Leu Trp Ala Asp Leu Gly
                             540   545

ccg tca ctc cta ccc gca ttc tgg gtg aca atc caa ctc acc gtc tat   2506
Pro Ser Leu Leu Pr Ala Phe Trp Val Thr Ile Gln Leu Thr Val Tyr

```
              550                    555                    560
tcc gcc atc gga tcc atg atc ctc ggt acc atc ctc acc gcc atg agg    2554
Ser Ala Ile Gly Ser Met Ile Leu Gly Thr Ile Leu Thr Ala Met Arg
                 565                    570                    575
gtg tcc ccg gtg aag atc ctg cgc agc ata tcc acc gcc tac atc aac    2602
Val Ser Pro Val Lys Ile Leu Arg Ser Ile Ser Thr Ala Tyr Ile Asn
                 580                    585                    590
acg gtc cgt aac acc cca ctg acc ctg gtg atc ctg ttc tgt tcc ttc    2650
Thr Val Arg Asn Thr Pro Leu Thr Leu Val Ile Leu Phe Cys Ser Phe
                 595                    600                    605
ggc ctg tat cag aat ctc ggt ctc acc ctc gcc ggt cgc gac agt tcc    2698
Gly Leu Tyr Gln Asn Leu Gly Leu Thr Leu Ala Gly Arg Asp Ser Ser
610                    615                    620                    625
acc ttt ctg gcc gat aac aac ttc cgg ctc gcg gtg ctc gga ttc atc    2746
Thr Phe Leu Ala Asp Asn Asn Phe Arg Leu Ala Val Leu Gly Phe Ile
                      630                    635                    640
ctg tac acc tcc gcc ttc gtt gcg gaa tca ctc cgg tca ggc atc aac    2794
Leu Tyr Thr Ser Ala Phe Val Ala Glu Ser Leu Arg Ser Gly Ile Asn
                 645                    650                    655
acc gtg cac ttc ggg cag gcg gag gcc gcc cgg tcg ctg gga ctc ggt    2842
Thr Val His Phe Gly Gln Ala Glu Ala Ala Arg Ser Leu Gly Leu Gly
                 660                    665                    670
ttc agt gac atc ttc cgg tcc atc atc ttc ccc cag gcg gtg cgt gcc    2890
Phe Ser Asp Ile Phe Arg Ser Ile Ile Phe Pro Gln Ala Val Arg Ala
                 675                    680                    685
gcc atc atc ccg ctg ggc aac acc ctc atc gcc ctg acc aag aac acc    2938
Ala Ile Ile Pr  Leu Gly Asn Thr Leu Ile Ala Leu Thr Lys Asn Thr
690                    695                    700                    705
acg atc gcg tcc gtg atc ggc gtc ggt gag gcc tcg ctg ctg atg aag    2986
```

Thr Ile Ala Ser Val Il Gly Val Gly Glu Ala Ser Leu Leu Met Lys

          710   715   720

tcc acg att gaa aat cat gcc aac atg ctc ttc gtc gtg ttc gcc atc   3034

Ser Thr Ile Glu Asn His Ala Asn Met Leu Phe Val Val Phe Ala Ile

          725   730   735

ttc gcc gtc ggc ttc atg atc ctc acc ctc ccc atg ggc ctg ggg ctt   3082

Phe Ala Val Gly Phe Met Ile Leu Thr Leu Pro Met Gly Leu Gly Leu

          740   745   750

gga aaa ctc gct gag aaa atg gcg gtg aag aaa taatgtcctc ctccgtacgc 3135

Gly Lys Leu Ala Glu Lys Met Ala Val Lys Lys

          755   760

gcaacagtcc tctacgacgc ccccggcccc cggggacgca ggtccaacac catcatcacc 3195

atcgccacca ccctggtggc agtggccgtc ctgttctgg gtg ggc agt gtt ctc   3249

                                       Val Gly Ser Val Leu

                                       765

cag gaa aac ggc cag ttg gac ggc gac aaa tgg acc ccg ttc ctc gat   3297

Gln Glu Asn Gly Gln Leu Asp Gly Asp Lys Trp Thr Pro Phe Leu Asp

770   775   780   785

ccc cag acc tgg acc acc tat ctt ctg ccc ggc ctg tgg gga acc ctg   3345

Pro Gln Thr Trp Thr Thr Tyr Leu Leu Pro Gly Leu Trp Gly Thr Leu

          790   795   800

aag gca gcg gtg gcc tcc atc ctt ctc gcg ctg atc atg ggc acc ctg   3393

Lys Ala Ala Val Ala Ser Ile Leu Leu Ala Leu Ile Met Gly Thr Leu

          805   810   815

ctc ggg ctc gga cgc atc tcc gaa atc cgg ctc ctg cgc tgg ttc tgc   3441

Leu Gly Leu Gly Arg Ile Ser Glu Ile Arg Leu Leu Arg Trp Phe Cys

          820   825   830

ggg atc atc atc gag acc ttc cgt gcc atc ccg gtg ctg atc ctc atg   3489

Gly Ile Ile Ile Glu Thr Phe Arg Ala Ile Pro Val Leu Ile Leu Met

```
          835                    840                    845
atc ttc gcc tat cag ttg ttc gcc cgt tac cag ctc gtt cca tca cgc   3537
Ile Phe Ala Tyr Gln Leu Phe Ala Arg Tyr Gln Leu Val Pro Ser Arg
    850                    855                    860                    865
cag ctg gcc ttc gcc gcg gtg gtc ttc ggt ctc acc atg tac aac ggc   3585
Gln Leu Ala Phe Ala Ala Val Val Phe Gly Leu Thr Met Tyr Asn Gly
                   870                    875                    880
tcc gtc atc gcc gag atc ctt aga tcg ggt atc gcc tcc ctg ccg aag   3633
Ser Val Ile Ala Glu Ile Leu Arg Ser Gly Ile Ala Ser Leu Pro Lys
                       885                    890                    895
gga cag cgt gag gcg gcg atc gcc ctg ggc atg tca acc cgc cag acc   3681
Gly Gln Arg Glu Ala Ala Ile Ala Leu Gly Met Ser Thr Arg Gln Thr
                   900          —        905                    910
acc tgg tcg atc ctg ctc ccc cag gcg gtg gca gcg atg ctg ccc gcc   3729
Thr Trp Ser Ile Leu Leu Pro Gln Ala Val Ala Ala Met Leu Pro Ala
               915                    920                    925
ctg atc gcg cag atg gtc atc gcg ctg aag gac tcc gcc ctc ggt tac   3777
Leu Ile Ala Gln Met Val Ile Ala Leu Lys Asp Ser Ala Leu Gly Tyr
930                    935                    940                    945
cag atc ggt tat atc gag gtg gta cgc tcc ggt atc cag tcc gca tcc   3825
Gln Ile Gly Tyr Ile Glu Val Val Arg Ser Gly Ile Gln Ser Ala Ser
                   950                    955                    960
gtc aac cgg aac tac ctg gct gcc ctc gcg gtg gtc gcg gtc atc atg   3873
Val Asn Arg Asn Tyr Leu Ala Ala Leu Ala Val Val Ala Val Ile Met
                   965                    970                    975
atc ctg atc aac ttc gca ctg acc gca ctg gca gag cgt atc cag cgt   3921
Ile Leu Ile Asn Phe Ala L u Thr Ala Leu Ala Glu Arg Ile Gln Arg
               980                    985                    990
cag ctg cgt gcc gga cgt gcc cgc agg aac att gtg gca aag gtg ccc   3969
```

```
Gln Leu Arg Ala Gly Arg Ala Arg Arg Asn Ile Val Ala Lys Val Pro
    995                 1000                1005
gag gaa ccc gat cag ggc ctg gat acc aag gac aat gtg aac gtg gat      4017
Glu Glu Pro Asp Gln Gly Leu Asp Thr Lys Asp Asn Val Asn Val Asp
1010                1015                1020                1025
tgg cac gat ccc gat tac aag gaa gtc aaa cac ccg gga ccg tca ttc      4065
Trp His Asp Pro Asp Tyr Lys Glu Val Lys His Pro Gly Pro Ser Phe
                    1030                1035                1040
tgacaggtcc ctggatcccc gctgcggtca ggaggcgggt gcaacaatga agtccggctg   4125
cccagatgtc tggggcagcc ggactttgtg cagatcaat gctgactgag gtcctcgatg   4185
cgctcatcga gagcctcccg ggccaggtcc atcgacatac ccgcggggaa tccacgacgg   4245
gcaagtgct                                                           4254
```

【0083】

<210> 17

<211> 242

<212> PRT

<213> Corynebacterium thermoaminogenes

<400> 17
```
Met Ile Lys Met Thr Gly Val Gln Lys Phe Phe Asp Asp Phe Gln Ala
1                 5                   10                  15
Leu Thr Asp Ile Asn Leu Glu Val Pro Ala Gly Gln Val Val Val Val
                20                  25                  30
Leu Gly Pro Ser Gly Ser Gly Lys Ser Thr Leu Cys Arg Thr Ile Asn
            35                  40                  45
Arg Leu Glu Thr Ile Glu Glu Gly Thr Ile Glu Ile Asp Gly Lys Leu
        50                  55                  60
Leu Pro Glu Glu Gly Lys Asp Leu Ala Lys Ile Arg Ala Asp Val Gly
65                  70                  75                  80
```

M t Val Phe Gln Ser Phe Asn Leu Phe Pro His Leu Thr Ile Lys Asp
                    85   90   95

Asn Val Thr Leu Gly Pro Met Lys Val Arg Lys Met Lys Lys Ser Glu
                    100   105   110

Ala Asn Glu Val Ala Met Lys Leu Leu Glu Arg Val Gly Ile Ala Asn
                    115   120   125

Gln Ala Glu Lys Tyr Pro Ala Gln Leu Ser Gly Gly Gln Gln Gln Arg
                    130   135   140

Val Ala Ile Ala Arg Ala Leu Ala Met Asn Pro Lys Ile Met Leu Phe
145   150   155   160

Asp Glu Pro Thr Ser Ala Leu Asp Pro Glu Met Val Asn Glu Val Leu
                    165   170   175

Asp Val Met Ala Ser Leu Ala Lys Glu Gly Met Thr Met Val Cys Val
                    180   185   190

Thr His Glu Met Gly Phe Ala Arg Arg Ala Ala Asp Arg Val Leu Phe
                    195   200   205

Met Ser Asp Gly Ala Ile Val Glu Asp Ser Asp Pro Glu Thr Phe Phe
210   215   220

Thr Asn Pro Gln Thr Asp Arg Ala Lys Asp Phe Leu Gly Lys Ile Leu
225   230   235   240

Ala His

【0084】

<210> 18

<211> 294

<212> PRT

<213> Corynebacterium thermoaminogenes

<400> 18

Met Ser His Lys Arg Met Phe Thr Arg Leu Ala Ala Ala Thr Ser Ala

```
        1                 5                    10                      15
      Ala Val Leu Ala Gly Ile Thr Leu Thr Ala Cys Gly Asp Ser Glu Gly

                   20                 25                    30
      Gly Asp Gly Leu Leu Ala Ala Ile Glu Asn Gly Asn Val Thr Ile Gly

                   35                 40                    45
      Thr Lys Tyr Asp Gln Pro Gly Leu Gly Leu Arg Asn Pro Asp Asn Ser

              50                 55                    60
      Met Ser Gly Leu Asp Val Asp Val Ala Gln Tyr Val Val Asn Ser Ile

          65                 70                    75                    80
      Ala Asp Asp Asn Gly Trp Asp His Pro Thr Val Glu Trp Arg Glu Thr

                        85                 90                    95
      Pro Ser Ala Gln Arg Glu Thr Leu Ile Gln Asn Gly Glu Val Asp Met

                        100                105                   110
      Ile Ala Ala Thr Tyr Ser Ile Asn Pro Gly Arg Ser Glu Ser Val Asn

                   115                120                   125
      Phe Gly Gly Pro Tyr Leu Leu Thr His Gln Ala Leu Leu Val Arg Glu

              130                135                   140
      Asp Asp Asp Arg Ile Gln Thr Leu Glu Asp Leu Asp Asp Gly Leu Ile

      145                150                   155                   160
      Leu Cys Ser Val Thr Gly Ser Thr Pro Ala Gln Lys Val Lys Asp Val

                   165                170                   175
      Leu Pro Gly Val Gln Leu Gln Glu Tyr Asp Thr Tyr Ser Ser Cys Val

                   180                185                   190
      Glu Ala Leu Ser Gln Gly Asn Val Asp Ala Met Thr Thr Asp Ala Thr

                   195                200                   205
      Ile Leu Phe Gly Tyr Ala Gln Gln Arg Glu Gly Glu Phe Arg Val Val

              210                215                   220
      Glu Met Glu Gln Asp Gly Glu Pro Phe Thr Asn Glu Tyr Tyr Gly Ile

      225                230                   235                   240
```

```
Gly Ile Thr Lys Asp Asp Thr Glu Ala Thr Asp Ala Ile Asn Ala Ala
                245                 250                 255

Leu Glu Arg Met Tyr Ala Asp Gly Ser Phe Gln Arg Phe Leu Thr Glu
                260                 265                 270

Asn Leu Gly Glu Asp Ser Gln Val Val Gln Glu Gly Thr Pro Gly Asp
                275                 280                 285

Leu Ser Phe Leu Asp Glu
                290
```

【００８５】

<210> 19

<211> 228

<212> PRT

<213> Corynebacterium thermoaminogenes

<400> 19

```
Met Ser Thr Leu Trp Ala Asp Leu Gly Pro Ser Leu Leu Pro Ala Phe
 1               5                  10                  15

Trp Val Thr Ile Gln Leu Thr Val Tyr Ser Ala Ile Gly Ser Met Ile
                20                  25                  30

Leu Gly Thr Ile Leu Thr Ala Met Arg Val Ser Pro Val Lys Ile Leu
                35                  40                  45

Arg Ser Ile Ser Thr Ala Tyr Ile Asn Thr Val Arg Asn Thr Pro Leu
        50                  55                  60

Thr Leu Val Ile Leu Phe Cys Ser Phe Gly Leu Tyr Gln Asn Leu Gly
 65                  70                  75                  80

Leu Thr Leu Ala Gly Arg Asp Ser Ser Thr Phe Leu Ala Asp Asn Asn
                85                  90                  95

Phe Arg Leu Ala Val Leu Gly Phe Ile Leu Tyr Thr Ser Ala Phe Val
                100                 105                 110
```

Ala Glu Ser Leu Arg Ser Gly Ile Asn Thr Val His Phe Gly Gln Ala
       115   120   125

Glu Ala Ala Arg Ser Leu Gly Leu Gly Phe Ser Asp Ile Phe Arg Ser
       130   135   140

Ile Ile Phe Pro Gln Ala Val Arg Ala Ala Ile Ile Pro Leu Gly Asn
145   150   155   160

Thr Leu Ile Ala Leu Thr Lys Asn Thr Thr Ile Ala Ser Val Ile Gly
          165   170   175

Val Gly Glu Ala Ser Leu Leu Met Lys Ser Thr Ile Glu Asn His Ala
          180   185   190

Asn Met Leu Phe Val Val Phe Ala Ile Phe Ala Val Gly Phe Met Ile
          195   200   205

Leu Thr Leu Pro Met Gly Leu Gly Leu Gly Lys Leu Ala Glu Lys Met
       210   215   220

Ala Val Lys Lys
225

【０ ０ ８ ６】

<210> 20

<211> 277

<212> PRT

<213> Corynebacterium thermoaminogenes

<400> 20

Val Gly Ser Val Leu Gln Glu Asn Gly Gln Leu Asp Gly Asp Lys Trp
  1   5   10   15

Thr Pro Phe Leu Asp Pro Gln Thr Trp Thr Thr Tyr Leu Leu Pro Gly
        20   25   30

Leu Trp Gly Thr Leu Lys Ala Ala Val Ala Ser Ile Leu Leu Ala Leu
       35   40   45

Ile Met Gly Thr Leu Leu Gly Leu Gly Arg Ile Ser Glu Ile Arg Leu
    50   55   60

Leu Arg Trp Phe Cys Gly Ile Ile Ile Glu Thr Phe Arg Ala Ile Pro
 65   70   75   80

Val Leu Ile Leu Met Ile Phe Ala Tyr Gln Leu Phe Ala Arg Tyr Gln
           85   90   95

Leu Val Pro Ser Arg Gln Leu Ala Phe Ala Ala Val Val Phe Gly Leu
         100   105   110

Thr Met Tyr Asn Gly Ser Val Ile Ala Glu Ile Leu Arg Ser Gly Ile
     115   120   125

Ala Ser Leu Pro Lys Gly Gln Arg Glu Ala Ala Ile Ala Leu Gly Met
    130   135   140

Ser Thr Arg Gln Thr Thr Trp Ser Ile Leu Leu Pro Gln Ala Val Ala
145   150   155   160

Ala Met Leu Pro Ala Leu Ile Ala Gln Met Val Ile Ala Leu Lys Asp
         165   170   175

Ser Ala Leu Gly Tyr Gln Ile Gly Tyr Ile Glu Val Val Arg Ser Gly
         180   185   190

Ile Gln Ser Ala Ser Val Asn Arg Asn Tyr Leu Ala Ala Leu Ala Val
     195   200   205

Val Ala Val Ile Met Ile Leu Ile Asn Phe Ala Leu Thr Ala Leu Ala
    210   215   220

Glu Arg Ile Gln Arg Gln Leu Arg Ala Gly Arg Ala Arg Arg Asn Ile
225   230   235   240

Val Ala Lys Val Pro Glu Glu Pro Asp Gln Gly Leu Asp Thr Lys Asp
         245   250   255

Asn Val Asn Val Asp Trp His Asp Pr Asp Tyr Lys Glu Val Lys His
         260   265   270

Pr Gly Pr Ser Phe

275

【0087】

<210> 21

<211> 3598

<212> DNA

<213> Corynebacterium thermoaminogenes

<220>

<221> CDS

<222> (454)..(3222)

<400> 21

```
agcacggcca aacatgagag aaacttcaca ttttgaattt cccctttcct gcatatggaa 60

aaccgccggt gacacccctg ccatttgggc agctcccccc acctcaccat gtccacattt 120

tccataatgt ggcctgtaac acccttgggc tcaaggcttc cacgccccac cgggaccctc 180

atcagcaggt gaaacagacc ctcctgcaat gctttgttaa aaagaaccgc cctttgtgcg 240

tatccttgtg tcaattgtgc gcgcactgcc accagctttc ctcaggattg aacacggtcg 300

ggaaatcctc cccggatacc ctgcacgccc cacctcccac accgacaccg gcgggaggg 360

ccgggcacgt tttcagctgc gggtgatgga agcggtcgcc ggtcccccgg tcgcataaac 420

gaaatgaaaa acattccaac aggaggtgtg gaa atg gcc gat caa gca aaa ctt 474
                                       Met Ala Asp Gln Ala Lys Leu
                                        1               5
```

```
ggt ggc aaa ccc aca gat gac acc aac ttc gcg atg atc cgt gat ggc   522
Gly Gly Lys Pro Thr Asp Asp Thr Asn Phe Ala Met Ile Arg Asp Gly
         10              15              20
```

```
gtt gca tct tat ttg aac gac tcc gac ccg gag gag acc aag gag tgg   570
Val Ala Ser Tyr Leu Asn Asp Ser Asp Pro Glu Glu Thr Lys Glu Trp
     25              30              35
```

```
atg gac tcc cta gac ggt cta ctg cag gat tcc tct ccg gag cgc gcc   618
Met Asp Ser Leu Asp Gly Leu Leu Gln Asp Ser Ser Pro Glu Arg Ala
40              45              50              55
```

```
cgt tac ctg atg ctg cgc ctg ctg gag cgg gca tcc gcc aag cgt gtc      666
Arg Tyr Leu Met Leu Arg Leu Leu Glu Arg Ala Ser Ala Lys Arg Val
              60                  65                  70

cca ctg ccc ccg atg acg tcc acc gat tac gtc aac acc atc ccc aca      714
Pro Leu Pro Pro Met Thr Ser Thr Asp Tyr Val Asn Thr Ile Pro Thr
              75                  80                  85

tcc atg gag ccc gat ttc ccg ggt gat gag gag atg gag aag cgc tac      762
Ser Met Glu Pro Asp Phe Pro Gly Asp Glu Glu Met Glu Lys Arg Tyr
              90                  95                 100

cgc cgc tgg atg cgc tgg aac gcc gcc atc atg gtg cac cgt gcc cag      810
Arg Arg Trp Met Arg Trp Asn Ala Ala Ile Met Val His Arg Ala Gln
          105                 110                 115

cgc ccg gga atc ggt gtg ggt ggg cac atc tcc acc tac gcc ggc gcc      858
Arg Pro Gly Ile Gly Val Gly Gly His Ile Ser Thr Tyr Ala Gly Ala
120                 125                 130                 135

gcc cca ctc tac gag gtc ggt ttc aac cac ttc ttc cgc ggc aag gac      906
Ala Pro Leu Tyr Glu Val Gly Phe Asn His Phe Phe Arg Gly Lys Asp
              140                 145                 150

cac ccg ggt ggc ggt gac cag gtc ttc ttc cag ggt cac gcc tcc ccg      954
His Pro Gly Gly Gly Asp Gln Val Phe Phe Gln Gly His Ala Ser Pro
              155                 160                 165

ggc atg tac gcc cgc gcc ttc ctc gag ggc cgt ctc acc gag agc gat     1002
Gly Met Tyr Ala Arg Ala Phe Leu Glu Gly Arg Leu Thr Glu Ser Asp
              170                 175                 180

ctg gac agc ttc cgc cag gag gtc tcc tac gaa ggt ggt ggc atc ccg     1050
Leu Asp Ser Phe Arg Gln Glu Val Ser Tyr Glu Gly Gly Gly Ile Pro
185                 190                 195

tcc tac ccg cac ccg cac ggc atg ccg gac ttc tgg gag ttc ccg acc     1098
Ser Tyr Pro His Pr  His Gly Met Pr  Asp Phe Trp Glu Phe Pro Thr
```

```
         200                    205                    210                    215
gtg tcc atg ggc ctc ggg ccc atg gat gcc atc tac cag gcg cgc ttc       1146
Val Ser Met Gly Leu Gly Pro Met Asp Ala Ile Tyr Gln Ala Arg Phe
                    220                    225                    230
aac cgc tac ctg cac aac cgt ggc atc aag gac acc tcg gag cag cac       1194
Asn Arg Tyr Leu His Asn Arg Gly Ile Lys Asp Thr Ser Glu Gln His
                    235                    240                    245
gtc tgg gca ttc ctc ggt gac ggc gag atg gat gag ccg gag tcc cgt       1242
Val Trp Ala Phe Leu Gly Asp Gly Glu Met Asp Glu Pro Glu Ser Arg
                    250                    255                    260
ggt ctc atc cac cag gct gcg ctg aac aac ctg gac aac ctc acc ttc       1290
Gly Leu Ile His Gln Ala Ala Leu Asn Asn Leu Asp Asn Leu Thr Phe
                    265                    270                    275
gtg atc aac tgc aac ctg cag cgt ctt gat ggc ccg gtc cgc ggt aac       1338
Val Ile Asn Cys Asn Leu Gln Arg Leu Asp Gly Pro Val Arg Gly Asn
280                    285                    290                    295
acc aag atc atc cag gaa ctc gag tcc ttc ttc cgt ggt gcc ggc tgg       1386
Thr Lys Ile Ile Gln Glu Leu Glu Ser Phe Phe Arg Gly Ala Gly Trp
                    300                    305                    310
tcc gtc atc aag gtc atc tgg ggc cgt gag tgg gat gaa ctg ctg gag       1434
Ser Val Ile Lys Val Ile Trp Gly Arg Glu Trp Asp Glu Leu Leu Glu
                    315                    320                    325
aag gac cag gac ggt gct ctt gtc gag gtc atg aac aac acc tcc gac       1482
Lys Asp Gln Asp Gly Ala Leu Val Glu Val Met Asn Asn Thr Ser Asp
                    330                    335                    340
ggt gac tac cag acc ttc aag gcc aat gac ggt gcc tac gtc cgt gag       1530
Gly Asp Tyr Gln Thr Phe Lys Ala Asn Asp Gly Ala Tyr Val Arg Glu
                    345                    350                    355
cac ttc ttc ggc cgt gac ccc cgc acc ctc aag ctc gtc gag gac atg       1578
```

出証特2000−309361

```
His Phe Phe Gly Arg Asp Pro Arg Thr Leu Lys Leu Val Glu Asp Met
360                 365             370             375
acc gac gag gag atc tgg aag ctg ccc cgt ggt ggc cat gac tac cgt    1626
Thr Asp Glu Glu Ile Trp Lys Leu Pro Arg Gly Gly His Asp Tyr Arg
                    380             385             390
aag gtc tac gcc gcc tac aag cgt gcg ctg gag acc aag gac cgc ccg    1674
Lys Val Tyr Ala Ala Tyr Lys Arg Ala Leu Glu Thr Lys Asp Arg Pro
                    395             400             405
acc gtc att ctc gcc cat acc atc aag ggc tac ggc ctg ggc cac aac    1722
Thr Val Ile Leu Ala His Thr Ile Lys Gly Tyr Gly Leu Gly His Asn
                    410             415             420
ttc gag ggc cgc aac gcg acc cac cag atg aag aag ctg acc ctg gat    1770
Phe Glu Gly Arg Asn Ala Thr His Gln Met Lys Lys Leu Thr Leu Asp
                    425             430             435
gac ctg aag ctg ttc cgt gac aag cag ggt ctg ccc atc acc gat gag    1818
Asp Leu Lys Leu Phe Arg Asp Lys Gln Gly Leu Pro Ile Thr Asp Glu
440                 445             450             455
gag ctg gag aag gat ccc tac ctg cct ccg tac tac cac ccg ggt gag    1866
Glu Leu Glu Lys Asp Pro Tyr Leu Pro Pro Tyr Tyr His Pro Gly Glu
                    460             465             470
gac gca ccg gag atc aag tac atg aag gag cgt cgc cag gcg ctc ggt    1914
Asp Ala Pro Glu Ile Lys Tyr Met Lys Glu Arg Arg Gln Ala Leu Gly
                    475             480             485
ggt ttc ctg ccg gag cgc cgt gag aag tac gag cca ctg cag gtt ccc    1962
Gly Phe Leu Pro Glu Arg Arg Glu Lys Tyr Glu Pro Leu Gln Val Pro
                    490             495             500
ccg ctg gac aag ctg cgg tcc gtg cgc aag ggt tcc ggc aag cag cag    2010
Pro Leu Asp Lys Leu Arg Ser Val Arg Lys Gly Ser Gly Lys Gln Gln
505                 510             515
```

gtg gcc acc acc atg gcc acg gtg cgt acc ttc aag gaa ctc atg cgg 2058
Val Ala Thr Thr Met Ala Thr Val Arg Thr Phe Lys Glu Leu Met Arg
520   525   530   535

gac aag aac ctg gcc gac cgc ttg gtc ccg atc atc ccg gat gag gcc 2106
Asp Lys Asn Leu Ala Asp Arg Leu Val Pro Ile Ile Pro Asp Glu Ala
              540   545   550

cgc acc ttc ggc ctg gac tcc tgg ttc ccg acc ctg aaa atc tac aac 2154
Arg Thr Phe Gly Leu Asp Ser Trp Phe Pro Thr Leu Lys Ile Tyr Asn
              555   560   565

ccg cac ggt cag aac tac gtg ccg gtc gac cat gac ctc atg ctg tcc 2202
Pro His Gly Gln Asn Tyr Val Pro Val Asp His Asp Leu Met Leu Ser
              570   575   580

tac cgt gag gcc aag gac ggc cag atc ctg cat gag ggc atc aac gag 2250
Tyr Arg Glu Ala Lys Asp Gly Gln Ile Leu His Glu Gly Ile Asn Glu
585   590   595

gcc ggt tcc gtg gca tcg ttt atc gcc gcc gga acc tcc tac gcc acc 2298
Ala Gly Ser Val Ala Ser Phe Ile Ala Ala Gly Thr Ser Tyr Ala Thr
600   605   610   615

cat ggc gag gcc atg atc ccg ctg tac atc ttc tac tcg atg ttc ggc 2346
His Gly Glu Ala Met Ile Pro Leu Tyr Ile Phe Tyr Ser Met Phe Gly
              620   625   630

ttc cag cgc acc ggt gac ggc atc tgg gcc gca gcc gac cag atg acg 2394
Phe Gln Arg Thr Gly Asp Gly Ile Trp Ala Ala Ala Asp Gln Met Thr
              635   640   645

cgt ggt ttc ctc ctg ggc gcc acc gcc ggt cgc acc acc ctg acc ggt 2442
Arg Gly Phe Leu Leu Gly Ala Thr Ala Gly Arg Thr Thr Leu Thr Gly
              650   655   660

gag ggc ctc cag cac atg gat ggc cac tcc ccg atc ctg gcc tcc acc 2490
Glu Gly Leu Gln His Met Asp Gly His Ser Pr Ile Leu Ala Ser Thr

```
           665                    670                    675
aac ccc ggt gtg gag acc tat gac ccg gcg ttc tcc tac gag atc gcg    2538
Asn Pro Gly Val Glu Thr Tyr Asp Pro Ala Phe Ser Tyr Glu Ile Ala
      680                    685                    690                    695
cac ctg gtc cac cgc ggc atc gac cgc atg tac gga ccg ggc aag ggt    2586
His Leu Val His Arg Gly Ile Asp Arg Met Tyr Gly Pro Gly Lys Gly
                    700                    705                    710
gag aat gtc atc tac tac ctc acc atc tac aac gag cca acc ccg cag    2634
Glu Asn Val Ile Tyr Tyr Leu Thr Ile Tyr Asn Glu Pro Thr Pro Gln
                    715                    720                    725
ccg gct gag cct gag gat ctg gac gtc gag ggc ctg cac aag ggc atc    2682
Pro Ala Glu Pro Glu Asp Leu Asp Val Glu Gly Leu His Lys Gly Ile
           730                    735                    740
tac ctc tac gac aag gcc gcc gag ggt gag ggc cat gag gcc tcg atc    2730
Tyr Leu Tyr Asp Lys Ala Ala Glu Gly Glu Gly His Glu Ala Ser Ile
           745                    750                    755
ctg gcc tcc ggc atc ggc atg cag tgg gca ctg cgc gcc cgt gac atc    2778
Leu Ala Ser Gly Ile Gly Met Gln Trp Ala Leu Arg Ala Arg Asp Ile
760                    765                    770                    775
ctc gcc gag gat tac ggc atc cgt gcc aac atc ttc tcc gcc acc tcg    2826
Leu Ala Glu Asp Tyr Gly Ile Arg Ala Asn Ile Phe Ser Ala Thr Ser
                    780                    785                    790
tgg gtg gag ctg gcc cgc gac ggt gcc cgc cgt aac ctg gag gcg ctg    2874
Trp Val Glu Leu Ala Arg Asp Gly Ala Arg Arg Asn Leu Glu Ala Leu
                    795                    800                    805
cgc aac ccg ggt gcg gat gtc ggt gag gca ttc gtg acc acc cag ctg    2922
Arg Asn Pro Gly Ala Asp Val Gly Glu Ala Phe Val Thr Thr Gln Leu
           810                    815                    820
aag aag ggt tcc ggc ccc tac gtc gcg gtg tcc gac ttc gcg acc gac    2970
```

Lys Lys Gly Ser Gly Pro Tyr Val Ala Val Ser Asp Phe Ala Thr Asp
    825   830   835

ctg ccg aac cag atc cgc gag tgg gtt ccc ggt gac tac atc gtc ctc   3018
Leu Pro Asn Gln Ile Arg Glu Trp Val Pro Gly Asp Tyr Ile Val Leu
    840   845   850   855

ggt gcc gac ggc ttc ggt ttc tcc gat acc cgt ccg gca gcc cgt cgt   3066
Gly Ala Asp Gly Phe Gly Phe Ser Asp Thr Arg Pro Ala Ala Arg Arg
               860   865   870

tac ttc aac atc gac gcc gag tcc atc gtc gtg gcg gtc ctg cgc ggc   3114
Tyr Phe Asn Ile Asp Ala Glu Ser Ile Val Val Ala Val Leu Arg Gly
           875   880   885

ctg gtc cgc gag ggt gtc atc gat gcc tcc gtg gcg gcg cac gcg gct   3162
Leu Val Arg Glu Gly Val Ile Asp Ala Ser Val Ala Ala His Ala Ala
          890   895   900

gag aag tac aag ctg tcc gac ccg acg gca cca cag gtc gat ccg gac   3210
Glu Lys Tyr Lys Leu Ser Asp Pro Thr Ala Pro Gln Val Asp Pro Asp
      905   910   915

gca ccg atc gag tagacctgct tgtcgacgaa aaacacccccc gccccctcac   3262
Ala Pro Ile Glu
920

atgatgaggg gggcggggggt gtgctcgttt acggcgggta cagggggggta tcagcccagc 3322
atcgccttat cggagagcgt cgcgcccttg atcttggcga attcctgcag cagatcccgc 3382
acggtgagct tctgcttcac ctctgcgctg gcctcataga cgatccgtcc ctcgtgcatc 3442
atgatgaggc ggttacccag gcggatagcc tgttccatgt tgtgggtgac catgagggtg 3502
gtcagtttgc cgtcctcgac gatcttctcg gtcagggtgg tgaccagttc ggctcgctgg 3562
gggtccaggg cggcggtgtg ttcgtcgaga agcatg   3598

【００８８】

<210> 22

<211> 923

<212> PRT.

<213> Corynebacterium thermoaminogenes

<400> 22

```
Met Ala Asp Gln Ala Lys Leu Gly Gly Lys Pro Thr Asp Asp Thr Asn
1               5                   10              15

Phe Ala Met Ile Arg Asp Gly Val Ala Ser Tyr Leu Asn Asp Ser Asp
                20                  25              30

Pro Glu Glu Thr Lys Glu Trp Met Asp Ser Leu Asp Gly Leu Leu Gln
                35                  40              45

Asp Ser Ser Pro Glu Arg Ala Arg Tyr Leu Met Leu Arg Leu Leu Glu
        50                  55                  60

Arg Ala Ser Ala Lys Arg Val Pro Leu Pro Pro Met Thr Ser Thr Asp
 65                 70                  75                  80

Tyr Val Asn Thr Ile Pro Thr Ser Met Glu Pro Asp Phe Pro Gly Asp
                85                  90                  95

Glu Glu Met Glu Lys Arg Tyr Arg Arg Trp Met Arg Trp Asn Ala Ala
                100                 105                 110

Ile Met Val His Arg Ala Gln Arg Pro Gly Ile Gly Val Gly Gly His
        115                 120                 125

Ile Ser Thr Tyr Ala Gly Ala Ala Pro Leu Tyr Glu Val Gly Phe Asn
        130                 135                 140

His Phe Phe Arg Gly Lys Asp His Pro Gly Gly Gly Asp Gln Val Phe
145                 150                 155                 160

Phe Gln Gly His Ala Ser Pro Gly Met Tyr Ala Arg Ala Phe Leu Glu
                165                 170                 175

Gly Arg Leu Thr Glu Ser Asp Leu Asp Ser Phe Arg Gln Glu Val Ser
                180                 185                 190

Tyr Glu Gly Gly Gly Ile Pr  Ser Tyr Pr  His Pr  His Gly Met Pr
```

195   200   205
Asp Phe Trp Glu Phe Pro Thr Val Ser Met Gly Leu Gly Pro Met Asp

210   215   220
Ala Ile Tyr Gln Ala Arg Phe Asn Arg Tyr Leu His Asn Arg Gly Ile

225   230   235   240
Lys Asp Thr Ser Glu Gln His Val Trp Ala Phe Leu Gly Asp Gly Glu

                245   250   255
Met Asp Glu Pro Glu Ser Arg Gly Leu Ile His Gln Ala Ala Leu Asn

          260   265   270
Asn Leu Asp Asn Leu Thr Phe Val Ile Asn Cys Asn Leu Gln Arg Leu

          275   280   285
Asp Gly Pro Val Arg Gly Asn Thr Lys Ile Ile Gln Glu Leu Glu Ser

          290   295   300
Phe Phe Arg Gly Ala Gly Trp Ser Val Ile Lys Val Ile Trp Gly Arg

305   310   315   320
Glu Trp Asp Glu Leu Leu Glu Lys Asp Gln Asp Gly Ala Leu Val Glu

                325   330   335
Val Met Asn Asn Thr Ser Asp Gly Asp Tyr Gln Thr Phe Lys Ala Asn

                340   345   350
Asp Gly Ala Tyr Val Arg Glu His Phe Phe Gly Arg Asp Pro Arg Thr

          355   360   365
Leu Lys Leu Val Glu Asp Met Thr Asp Glu Glu Ile Trp Lys Leu Pro

          370   375   380
Arg Gly Gly His Asp Tyr Arg Lys Val Tyr Ala Ala Tyr Lys Arg Ala

385   390   395   400
Leu Glu Thr Lys Asp Arg Pro Thr Val Ile Leu Ala His Thr Ile Lys

                405   410   415
Gly Tyr Gly Leu Gly His Asn Phe Glu Gly Arg Asn Ala Thr His Gln

          420   425   430

Met Lys Lys Leu Thr Leu Asp Asp Leu Lys Leu Phe Arg Asp Lys Gln
        435   440   445

Gly Leu Pro Ile Thr Asp Glu Glu Leu Glu Lys Asp Pro Tyr Leu Pro
        450   455   460

Pro Tyr Tyr His Pro Gly Glu Asp Ala Pro Glu Ile Lys Tyr Met Lys
465   470   475   480

Glu Arg Arg Gln Ala Leu Gly Gly Phe Leu Pro Glu Arg Arg Glu Lys
                485   490   495

Tyr Glu Pro Leu Gln Val Pro Pro Leu Asp Lys Leu Arg Ser Val Arg
                500   505   510

Lys Gly Ser Gly Lys Gln Gln Val Ala Thr Thr Met Ala Thr Val Arg
        515   520   525

Thr Phe Lys Glu Leu Met Arg Asp Lys Asn Leu Ala Asp Arg Leu Val
        530   535   540

Pro Ile Ile Pro Asp Glu Ala Arg Thr Phe Gly Leu Asp Ser Trp Phe
545   550   555   560

Pro Thr Leu Lys Ile Tyr Asn Pro His Gly Gln Asn Tyr Val Pro Val
                565   570   575

Asp His Asp Leu Met Leu Ser Tyr Arg Glu Ala Lys Asp Gly Gln Ile
                580   585   590

Leu His Glu Gly Ile Asn Glu Ala Gly Ser Val Ala Ser Phe Ile Ala
        595   600   605

Ala Gly Thr Ser Tyr Ala Thr His Gly Glu Ala Met Ile Pro Leu Tyr
        610   615   620

Ile Phe Tyr Ser Met Phe Gly Phe Gln Arg Thr Gly Asp Gly Ile Trp
625   630   635   640

Ala Ala Ala Asp Gln Met Thr Arg Gly Phe Leu Leu Gly Ala Thr Ala
                645   650   655

Gly Arg Thr Thr Leu Thr Gly Glu Gly Leu Gln His Met Asp Gly His

660 665 670
Ser Pro Ile Leu Ala Ser Thr Asn Pro Gly Val Glu Thr Tyr Asp Pro

675 680 685
Ala Phe Ser Tyr Glu Ile Ala His Leu Val His Arg Gly Ile Asp Arg

690 695 700
Met Tyr Gly Pro Gly Lys Gly Glu Asn Val Ile Tyr Tyr Leu Thr Ile

705 710 715 720
Tyr Asn Glu Pro Thr Pro Gln Pro Ala Glu Pro Glu Asp Leu Asp Val

725 730 735
Glu Gly Leu His Lys Gly Ile Tyr Leu Tyr Asp Lys Ala Ala Glu Gly

740 745 750
Glu Gly His Glu Ala Ser Ile Leu Ala Ser Gly Ile Gly Met Gln Trp

755 760 765
Ala Leu Arg Ala Arg Asp Ile Leu Ala Glu Asp Tyr Gly Ile Arg Ala

770 775 780
Asn Ile Phe Ser Ala Thr Ser Trp Val Glu Leu Ala Arg Asp Gly Ala

785 790 795 800
Arg Arg Asn Leu Glu Ala Leu Arg Asn Pro Gly Ala Asp Val Gly Glu

805 810 815
Ala Phe Val Thr Thr Gln Leu Lys Lys Gly Ser Gly Pro Tyr Val Ala

820 825 830
Val Ser Asp Phe Ala Thr Asp Leu Pro Asn Gln Ile Arg Glu Trp Val

835 840 845
Pro Gly Asp Tyr Ile Val Leu Gly Ala Asp Gly Phe Gly Phe Ser Asp

850 855 860
Thr Arg Pro Ala Ala Arg Arg Tyr Phe Asn Ile Asp Ala Glu Ser Ile

865 870 875 880
Val Val Ala Val Leu Arg Gly Leu Val Arg Glu Gly Val Ile Asp Ala

885 890 895

Ser Val Ala Ala His Ala Ala Glu Lys Tyr Lys Leu S r Asp Pro Thr

900   905   910

Ala Pro Gln Val Asp Pro Asp Ala Pro Ile Glu

915   920

[0089]

<210> 23

<211> 4013

<212> DNA

<213> Corynebacterium thermoaminogenes

<220>

<221> CDS

<222> (319)..(3735)

<400> 23

gtcctttttg caaattctgc aaagtgggta gaggtcagat gtcagcaggt cggtccgatt 60

tctgtaggaa agtggagccg ttggggggcaa cattaacctt cccccctggga tgtagctaaa 120

cggcaatggg ggtctcgggc ggggggcatt cttttcacgg caaggtggtg aaattccgca 180

ggtcactccc cggccggcgg tagagaacgg agcgaaaacg gaaagcaata cgtggttttc 240

cggactggcc gttacgatgt tctgaagagt gactgccatc acccaacagg ctggtcctcg 300

tcgaaaggaa caaaaact gtg gtt aca aca aca ccc tcc acg ctg ccg gcg   351

                    Val Val Thr Thr Thr Pro Ser Thr Leu Pro Ala

                    1   5   10

ttc aaa aag atc ctg gtg gcc aac cga ggt gaa atc gcg gtg cga gca   399

Phe Lys Lys Ile Leu Val Ala Asn Arg Gly Glu Ile Ala Val Arg Ala

          15   20   25

ttc cgc gcc gcc tac gag acc ggg gcc gca acc gtg gcc atc tac ccc   447

Phe Arg Ala Ala Tyr Glu Thr Gly Ala Ala Thr Val Ala Ile Tyr Pro

          30   35   40

cgg gag gac cgt ggc tcc ttc cac cgc tcc ttc gcc tcc gag gcg gtg   495
Arg Glu Asp Arg Gly Ser Phe His Arg Ser Phe Ala Ser Glu Ala Val
     45   50   55

agg atc gga acc gag ggc tca ccc gtc aag gcg tac ctc gat att gat   543
Arg Ile Gly Thr Glu Gly Ser Pro Val Lys Ala Tyr Leu Asp Ile Asp
    60   65   70   75

gag atc atc aac gcc gcc aag aag gtg aaa gcg gac gcg gtc tac ccg   591
Glu Ile Ile Asn Ala Ala Lys Lys Val Lys Ala Asp Ala Val Tyr Pro
              80   85   90

ggg tat ggt ttc ctt tcg gaa aat gcc cag ctc gcg cgt gaa tgc gcg   639
Gly Tyr Gly Phe Leu Ser Glu Asn Ala Gln Leu Ala Arg Glu Cys Ala
              95   100   105

gag aac ggc att acc ttc atc ggt ccc acc ccg gag gtg ctc gac ctc   687
Glu Asn Gly Ile Thr Phe Ile Gly Pro Thr Pro Glu Val Leu Asp Leu
        110   115   120

acg ggc gac aag tcc aag gct gtg tcc gcc gcg aag aag gcc ggg ctg   735
Thr Gly Asp Lys Ser Lys Ala Val Ser Ala Ala Lys Lys Ala Gly Leu
        125   130   135

ccg gtg ctg gcg gaa tcc acc ccc agc acc gac atc gat gag atc gtc   783
Pro Val Leu Ala Glu Ser Thr Pro Ser Thr Asp Ile Asp Glu Ile Val
 140   145   150   155

aag agt gcc gag ggg cag acc tac ccg atc ttc gtc aag gcc gtc gca   831
Lys Ser Ala Glu Gly Gln Thr Tyr Pro Ile Phe Val Lys Ala Val Ala
        160   165   170

ggt ggt ggc ggg cgt ggt atg cgg ttc gtc gag aag ccc gag gac ctg   879
Gly Gly Gly Gly Arg Gly Met Arg Phe Val Glu Lys Pro Glu Asp Leu
        175   180   185

cgt gag ctg gcc agg gag gcc tcc cgc gag gcg gag gcc gct ttc ggt   927
Arg Glu Leu Ala Arg Glu Ala Ser Arg Glu Ala Glu Ala Ala Phe Gly

```
                190                    195                    200
gac gga tcc gtc tac gtc gaa cgg gcc gtg atc aaa ccc cag cac atc        975
Asp Gly Ser Val Tyr Val Glu Arg Ala Val Ile Lys Pro Gln His Ile
       205                    210                    215
gag gtg cag atc ctc ggt gat cac acc ggc gat gtc atc cac ctg tat       1023
Glu Val Gln Ile Leu Gly Asp His Thr Gly Asp Val Ile His Leu Tyr
220                    225                    230                    235
gaa cgc gac tgt tcc ctg cag cgc cgc cac cag aag gtc gtg gag atc       1071
Glu Arg Asp Cys Ser Leu Gln Arg Arg His Gln Lys Val Val Glu Ile
                240                    245                    250
gca cct gcc cag cac ctc gac ccg gag ctg cgc gac cgc atc tgt gcc       1119
Ala Pro Ala Gln His Leu Asp Pro Glu Leu Arg Asp Arg Ile Cys Ala
                255                    260                    265
gat gcc gtg aag ttc tgc aaa tcc atc gga tac cag ggc gcc ggc acc       1167
Asp Ala Val Lys Phe Cys Lys Ser Ile Gly Tyr Gln Gly Ala Gly Thr
       270                    275                    280
gtg gag ttc ctc gtc gac gag gcg ggc aac cac gtc ttc att gag atg       1215
Val Glu Phe Leu Val Asp Glu Ala Gly Asn His Val Phe Ile Glu Met
       285                    290                    295
aac ccc cgc atc cag gtg gaa cac acc gtg acc gag gag gtc acc tcc       1263
Asn Pro Arg Ile Gln Val Glu His Thr Val Thr Glu Glu Val Thr Ser
300                    305                    310                    315
gtc gac ctg gtc aag gcg cag atg cac ctg gcc gcc ggt gcc acc ctg       1311
Val Asp Leu Val Lys Ala Gln Met His Leu Ala Ala Gly Ala Thr Leu
                320                    325                    330
aag gaa ctg ggc ctg acc cag gac aag atc acc acc cac ggt gcc gcc       1359
Lys Glu Leu Gly Leu Thr Gln Asp Lys Ile Thr Thr His Gly Ala Ala
                335                    340                    345
ctg cag tgc cgc atc acc acg gag gac ccg tcc aac aac ttc cgg ccc       1407
Leu Gln Cys Arg Ile Thr Thr Glu Asp Pro Ser Asn Asn Phe Arg Pro
```

Leu Gln Cys Arg Ile Thr Thr Glu Asp Pro Ser Asn Asn Phe Arg Pro
     350   355   360

gac acc ggt gtg atc acc gcc tac cgc tcc ccg ggt ggt gcg ggt gtg   1455
Asp Thr Gly Val Ile Thr Ala Tyr Arg Ser Pro Gly Gly Ala Gly Val
     365   370   375

cgt ctc gac ggc gca gcc cag ctc ggc ggc gag atc acc gca cat ttc   1503
Arg Leu Asp Gly Ala Ala Gln Leu Gly Gly Glu Ile Thr Ala His Phe
380   385   390   395

gat tcc atg ctg gtc aag atg acc tgc cgc ggt tcc gat ttc gag acc   1551
Asp Ser Met Leu Val Lys Met Thr Cys Arg Gly Ser Asp Phe Glu Thr
                   400   405   410

gcc gtg tcc cga gcc cag cgc gcc ctg gcg gag ttc aac gtc tcc ggc   1599
Ala Val Ser Arg Ala Gln Arg Ala Leu Ala Glu Phe Asn Val Ser Gly
                   415   420   425

gtg gcc acc aac atc ggc ttc ctg cgt gcg ctg ctg cgc gag gaa gac   1647
Val Ala Thr Asn Ile Gly Phe Leu Arg Ala Leu Leu Arg Glu Glu Asp
           430   435   440

ttc acc aag agg cgc atc gac acc ggc ttc atc ggc tcc cac cag cac   1695
Phe Thr Lys Arg Arg Ile Asp Thr Gly Phe Ile Gly Ser His Gln His
     445   450   455

ctg ctc cag gcc cca ccg gcc gac gat gag cag ggg cgg atc ctg gaa   1743
Leu Leu Gln Ala Pro Pro Ala Asp Asp Glu Gln Gly Arg Ile Leu Glu
460   465   470   475

tac ctg gcg gat gtc acc gtg aac aaa ccc cac ggt gaa cgc ccc gag   1791
Tyr Leu Ala Asp Val Thr Val Asn Lys Pro His Gly Glu Arg Pro Glu
                   480   485   490

aca gcc cgt ccg ata gag aag ctg ccc gag gtg gag aac atc ccg ctg   1839
Thr Ala Arg Pro Ile Glu Lys Leu Pro Glu Val Glu Asn Ile Pro Leu
                   495   500   505

出証特2000−3093613

Arg Gly Leu Tyr Leu Pro Phe Glu Ser Gly Thr Pro Gly Pro Thr Gly
          815   820   825

cgc gtt tac cgc cac gag atc ccc ggc ggt cag ctg tcc aac ctg cgt   2847
Arg Val Tyr Arg His Glu Ile Pro Gly Gly Gln Leu Ser Asn Leu Arg
          830   835   840

gcc cag gcc gtt gca ctg ggt ctg gcc gac cgc ttc gag ctc atc gag   2895
Ala Gln Ala Val Ala Leu Gly Leu Ala Asp Arg Phe Glu Leu Ile Glu
          845   850   855

gac tac tac gcg gcc gtc aac gag atg ctg ggt cgt ccg acc aag gtc   2943
Asp Tyr Tyr Ala Ala Val Asn Glu Met Leu Gly Arg Pro Thr Lys Val
860   865   870   875

acc ccg tcc tcc aag gtt gtc ggt gac ctc gca ctg cac ctc gtc ggt   2991
Thr Pro Ser Ser Lys Val Val Gly Asp Leu Ala Leu His Leu Val Gly
          880   885   890

gcc ggt gtg agc ccg gag gat ttc gcc gcc gat ccg cag aag tac gac   3039
Ala Gly Val Ser Pro Glu Asp Phe Ala Ala Asp Pro Gln Lys Tyr Asp
          895   900   905

atc ccc gat tcg gtc atc gcc ttc ctc cgc ggc gaa ctg ggt acc cct   3087
Ile Pro Asp Ser Val Ile Ala Phe Leu Arg Gly Glu Leu Gly Thr Pro
          910   915   920

ccc ggt ggc tgg ccc gaa ccg ctg cgc acc cgt gca ctc gag ggt cgc   3135
Pro Gly Gly Trp Pro Glu Pro Leu Arg Thr Arg Ala Leu Glu Gly Arg
          925   930   935

tcc cag ggt aag gcc ccg ctg gcg gag atc ccc gcc gag gag cag gcc   3183
Ser Gln Gly Lys Ala Pro Leu Ala Glu Ile Pro Ala Glu Glu Gln Ala
940   945   950   955

cac ctg gat tcc gat gat tcc gcg gag cgt cgc ggc acc ctc aac cgc   3231
His Leu Asp Ser Asp Asp Ser Ala Glu Arg Arg Gly Thr Leu Asn Arg
          960   965   970

```
ctg ctg ttc ccg aag ccg acc gag gag ttc ctt gag cac cgt cgc cgc      3279
Leu Leu Phe Pro Lys Pro Thr Glu Glu Phe Leu Glu His Arg Arg Arg
            975             980                 985

ttc ggc aac acc tcc gcc ctg gat gac cgc gag ttc ttc tac ggc ttg      3327
Phe Gly Asn Thr Ser Ala Leu Asp Asp Arg Glu Phe Phe Tyr Gly Leu
            990             995                 1000

aag gag gga cgt gag gag ctg atc cga ctg acc ggt gtg tcc acc ccg      3375
Lys Glu Gly Arg Glu Glu Leu Ile Arg Leu Thr Gly Val Ser Thr Pro
        1005            1010                1015

atg gtg gtc cgc ctg gat gcg gtg tcc gaa ccg gat gac aaa ggc atg      3423
Met Val Val Arg Leu Asp Ala Val Ser Glu Pro Asp Asp Lys Gly Met
1020            1025                1030                1035

cgc aac gtg gtg gtc aac gtc aac ggc cag atc cgc ccg atc aag gtg      3471
Arg Asn Val Val Val Asn Val Asn Gly Gln Ile Arg Pro Ile Lys Val
            1040            1045                1050

cgc gac cgt tcc gtg gag tcc gtc acc gcc acc gcg gag aag gcc gat      3519
Arg Asp Arg Ser Val Glu Ser Val Thr Ala Thr Ala Glu Lys Ala Asp
        1055            1060                1065

gcc acc aac aag ggc cat gtc gcc gca cca ttc gcc ggt gtg gtc acc      3567
Ala Thr Asn Lys Gly His Val Ala Ala Pro Phe Ala Gly Val Val Thr
        1070            1075                1080

gtg acc gtc gcc gag ggt gat gag atc aag gct ggc gac gcc gtg gcc      3615
Val Thr Val Ala Glu Gly Asp Glu Ile Lys Ala Gly Asp Ala Val Ala
        1085            1090                1095

atc att gag gcc atg aag atg gag gcc acc atc acc gcg cct gtc gac      3663
Ile Ile Glu Ala Met Lys Met Glu Ala Thr Ile Thr Ala Pro Val Asp
1100            1105                1110                1115

ggt gtc atc gac cgc gtc gtg gtg ccc gcc gcc acc aag gtc gag ggc      3711
Gly Val Ile Asp Arg Val Val Val Pro Ala Ala Thr Lys Val Glu Gly
```

出証特２０００－３０９３６１３

```
                 1120              1125              1130
ggc gac ctc atc gtg gtc gtg tcc tagcgactga gagccacaac ccgtcccggg  3765
Gly Asp Leu Ile Val Val Val Ser

                 1135
tgccttgtta tcaacctccc cctgatgatg ttctcagggg gaggctctac gtacctcacc  3825

gtgacggtgc atgtatatcg tcctgctgga gagaatgctc caggtaggaa cgccaaccac  3885

cccactccgt gatgtcccgt gctgatccca ggcaggccgg ttggaaagaa aaaccagtga  3945

tggaacggcc atcggacagc gagacggaac caagcgtcat cggctccggt agagcggtga  4005

ggagcctg                                                           4013
```

【００９０】

<210> 24

<211> 1139

<212> PRT

<213> Corynebacterium thermoaminogenes

<400> 24

```
Val Val Thr Thr Thr Pro Ser Thr Leu Pro Ala Phe Lys Lys Ile Leu
1               5               10              15

Val Ala Asn Arg Gly Glu Ile Ala Val Arg Ala Phe Arg Ala Ala Tyr
            20              25              30

Glu Thr Gly Ala Ala Thr Val Ala Ile Tyr Pro Arg Glu Asp Arg Gly
        35              40              45

Ser Phe His Arg Ser Phe Ala Ser Glu Ala Val Arg Ile Gly Thr Glu
    50              55              60

Gly Ser Pro Val Lys Ala Tyr Leu Asp Ile Asp Glu Ile Ile Asn Ala
65              70              75              80

Ala Lys Lys Val Lys Ala Asp Ala Val Tyr Pro Gly Tyr Gly Phe Leu
                85              90              95

Ser Glu Asn Ala Gln Leu Ala Arg Glu Cys Ala Glu Asn Gly Ile Thr
            100             105             110
```

Phe Ile Gly Pro Thr Pro Glu Val Leu Asp Leu Thr Gly Asp Lys Ser
115   120   125

Lys Ala Val Ser Ala Ala Lys Lys Ala Gly Leu Pro Val Leu Ala Glu
    130   135   140

Ser Thr Pro Ser Thr Asp Ile Asp Glu Ile Val Lys Ser Ala Glu Gly
145   150   155   160

Gln Thr Tyr Pro Ile Phe Val Lys Ala Val Ala Gly Gly Gly Gly Arg
                  165   170   175

Gly Met Arg Phe Val Glu Lys Pro Glu Asp Leu Arg Glu Leu Ala Arg
                  180   185   190

Glu Ala Ser Arg Glu Ala Glu Ala Ala Phe Gly Asp Gly Ser Val Tyr
        195   200   205

Val Glu Arg Ala Val Ile Lys Pro Gln His Ile Glu Val Gln Ile Leu
    210   215   220

Gly Asp His Thr Gly Asp Val Ile His Leu Tyr Glu Arg Asp Cys Ser
225   230   235   240

Leu Gln Arg Arg His Gln Lys Val Val Glu Ile Ala Pro Ala Gln His
                  245   250   255

Leu Asp Pro Glu Leu Arg Asp Arg Ile Cys Ala Asp Ala Val Lys Phe
                  260   265   270

Cys Lys Ser Ile Gly Tyr Gln Gly Ala Gly Thr Val Glu Phe Leu Val
        275   280   285

Asp Glu Ala Gly Asn His Val Phe Ile Glu Met Asn Pro Arg Ile Gln
    290   295   300

Val Glu His Thr Val Thr Glu Glu Val Thr Ser Val Asp Leu Val Lys
305   310   315   320

Ala Gln Met His Leu Ala Ala Gly Ala Thr Leu Lys Glu Leu Gly Leu
                  325   330   335

Thr Gln Asp Lys Ile Thr Thr His Gly Ala Ala Leu Gln Cys Arg Ile

```
                 340                    345                    350
Thr Thr Glu Asp Pro Ser Asn Asn Phe Arg Pro Asp Thr Gly Val Ile
             355                    360                    365
Thr Ala Tyr Arg Ser Pro Gly Gly Ala Gly Val Arg Leu Asp Gly Ala
         370                    375                    380
Ala Gln Leu Gly Gly Glu Ile Thr Ala His Phe Asp Ser Met Leu Val
385                    390                    395                    400
Lys Met Thr Cys Arg Gly Ser Asp Phe Glu Thr Ala Val Ser Arg Ala
                 405                    410                    415
Gln Arg Ala Leu Ala Glu Phe Asn Val Ser Gly Val Ala Thr Asn Ile
             420                    425                    430
Gly Phe Leu Arg Ala Leu Leu Arg Glu Glu Asp Phe Thr Lys Arg Arg
             435                    440                    445
Ile Asp Thr Gly Phe Ile Gly Ser His Gln His Leu Leu Gln Ala Pro
             450                    455                    460
Pro Ala Asp Asp Glu Gln Gly Arg Ile Leu Glu Tyr Leu Ala Asp Val
465                    470                    475                    480
Thr Val Asn Lys Pro His Gly Glu Arg Pro Glu Thr Ala Arg Pro Ile
                 485                    490                    495
Glu Lys Leu Pro Glu Val Glu Asn Ile Pro Leu Pro Arg Gly Ser Arg
             500                    505                    510
Asp Arg Leu Lys Gln Leu Gly Pro Glu Gly Phe Ala Arg Asp Leu Arg
         515                    520                    525
Glu Gln Asp Ala Leu Ala Val Thr Asp Thr Thr Phe Arg Asp Ala His
             530                    535                    540
Gln Ser Leu Leu Ala Thr Arg Val Arg Ser Phe Ala Leu Thr Pro Ala
545                    550                    555                    560
Ala Arg Ala Val Ala Lys Leu Thr Pro Glu Leu Leu Ser Val Glu Ala
             565                    570                    575
```

Trp Gly Gly Ala Thr Tyr Asp Val Ala Met Arg Phe Leu Phe Glu Asp
            580   585   590

Pro Trp Ala Arg Leu Asp Glu Leu Arg Glu Ala Met Pro Asn Val Asn
            595   600   605

Ile Gln Met Leu Leu Arg Gly Arg Asn Thr Val Gly Tyr Thr Pro Tyr
        610   615   620

Pro Asp Ser Val Cys Arg Ala Phe Val Gln Glu Ala Ala Lys Ser Gly
    625   630   635   640

Val Asp Ile Phe Arg Ile Phe Asp Ala Leu Asn Asp Ile Ser Gln Met
                645   650   655

Arg Pro Ala Ile Asp Ala Val Leu Glu Thr Gly Thr Ser Val Ala Glu
            660   665   670

Val Ala Met Ala Tyr Ser Gly Asp Leu Ser Asn Pro Gly Glu Lys Leu
            675   680   685

Tyr Thr Leu Asp Tyr Tyr Leu Asn Leu Ala Glu Gln Ile Val Asp Ser
        690   695   700

Gly Ala His Ile Leu Ala Ile Lys Asp Met Ala Gly Leu Leu Arg Arg
705   710   715   720

Ala Ala Ala Pro Lys Leu Val Thr Ala Leu Arg Arg Glu Phe Asp Leu
                725   730   735

Pro Val His Val His Thr His Asp Thr Ala Gly Gly Gln Leu Ala Thr
                740   745   750

Tyr Leu Ala Ala Ala Asn Ala Gly Ala Asp Ala Val Asp Ala Ala Ser
        755   760   765

Ala Pro Leu Ser Gly Thr Thr Ser Gln Pro Ser Met Ser Ala Leu Val
        770   775   780

Ala Ala Phe Ala His Thr Arg Arg Asp Thr Gly Leu Asn Leu Gln Ala
785   790   795   800

Val Ser Asp Leu Glu Pro Tyr Trp Glu Ala Val Arg Gly Leu Tyr Leu

100   出証特2000−3093613

```
                   805                      810                       815
     Pro Phe Glu Ser Gly Thr Pro Gly Pro Thr Gly Arg Val Tyr Arg His
                   820                      825                       830
     Glu Ile Pro Gly Gly Gln Leu Ser Asn Leu Arg Ala Gln Ala Val Ala
                   835                      840                       845
     Leu Gly Leu Ala Asp Arg Phe Glu Leu Ile Glu Asp Tyr Tyr Ala Ala
                   850                      855                       860
     Val Asn Glu Met Leu Gly Arg Pro Thr Lys Val Thr Pro Ser Ser Lys
     865                      870                      875                       880
     Val Val Gly Asp Leu Ala Leu His Leu Val Gly Ala Gly Val Ser Pro
                             885                      890                       895
     Glu Asp Phe Ala Ala Asp Pro Gln Lys Tyr Asp Ile Pro Asp Ser Val
                   900                      905                       910
     Ile Ala Phe Leu Arg Gly Glu Leu Gly Thr Pro Pro Gly Gly Trp Pro
                   915                      920                       925
     Glu Pro Leu Arg Thr Arg Ala Leu Glu Gly Arg Ser Gln Gly Lys Ala
                   930                      935                       940
     Pro Leu Ala Glu Ile Pro Ala Glu Glu Gln Ala His Leu Asp Ser Asp
     945                      950                      955                       960
     Asp Ser Ala Glu Arg Arg Gly Thr Leu Asn Arg Leu Leu Phe Pro Lys
                             965                      970                       975
     Pro Thr Glu Glu Phe Leu Glu His Arg Arg Arg Phe Gly Asn Thr Ser
                   980                      985                       990
     Ala Leu Asp Asp Arg Glu Phe Phe Tyr Gly Leu Lys Glu Gly Arg Glu
                   995                      1000                      1005
     Glu Leu Ile Arg Leu Thr Gly Val Ser Thr Pro Met Val Val Arg Leu
                   1010                     1015                      1020
     Asp Ala Val Ser Glu Pro Asp Asp Lys Gly Met Arg Asn Val Val Val
     025                      1030                     1035                      1040
```

Asn Val Asn Gly Gln Ile Arg Pro Ile Lys Val Arg Asp Arg Ser Val
          1045   1050   1055

Glu Ser Val Thr Ala Thr Ala Glu Lys Ala Asp Ala Thr Asn Lys Gly
        1060   1065   1070

His Val Ala Ala Pro Phe Ala Gly Val Val Thr Val Thr Val Ala Glu
        1075   1080   1085

Gly Asp Glu Ile Lys Ala Gly Asp Ala Val Ala Ile Ile Glu Ala Met
        1090   1095   1100

Lys Met Glu Ala Thr Ile Thr Ala Pro Val Asp Gly Val Ile Asp Arg
 105   1110   1115   1120

Val Val Val Pro Ala Ala Thr Lys Val Glu Gly Gly Asp Leu Ile Val
        1125   1130   1135

Val Val Ser

[0091]

<210> 25

<211> 3306

<212> DNA

<213> Corynebacterium thermoaminogenes

<220>

<221> CDS

<222> (64)..(2820)

<400> 25

gatcaaccta agccaggaga atccggcggg cggtttctac ttctacagga gctgaacccc 60

acc gtg aat gaa ctt ctc cgt gac gat atc cgt tat ctc ggc cgg atc   108
    Val Asn Glu Leu Leu Arg Asp Asp Ile Arg Tyr Leu Gly Arg Ile
    1   5   10   15

```
ctg ggc gag gtg atc tcc gag cag gag ggc cac cat gtc ttc gaa ctg     156
Leu Gly Glu Val Ile Ser Glu Gln Glu Gly His His Val Phe Glu Leu
            20                  25                  30

gtt gaa cgc gcc cgc cgg acc tcc ttc gac atc gcc aag gga cgc gcg     204
Val Glu Arg Ala Arg Arg Thr Ser Phe Asp Ile Ala Lys Gly Arg Ala
            35                  40                  45

gag atg gac agt ctg gtg gag gtg ttc gct ggc atc gac ccg gag gac     252
Glu Met Asp Ser Leu Val Glu Val Phe Ala Gly Ile Asp Pro Glu Asp
            50                  55                  60

gcc acg ccc gtg gcc cga gcc ttc acc cat ttc gcc ctg ttg gcc aac     300
Ala Thr Pro Val Ala Arg Ala Phe Thr His Phe Ala Leu Leu Ala Asn
        65                  70                  75

ctc gcg gag gat ttg cat gac gca gcc cag cgg gaa cag gcc ctg aac     348
Leu Ala Glu Asp Leu His Asp Ala Ala Gln Arg Glu Gln Ala Leu Asn
80                  85                  90                  95

tcg ggt gag ccc gcg ccg gac agc acc ctc gag gcc acc tgg gtg aaa     396
Ser Gly Glu Pro Ala Pro Asp Ser Thr Leu Glu Ala Thr Trp Val Lys
                100                 105                 110

ctg gat gat gcc ggg gtg ggc agc ggt gag gtc gcc gcg gtg atc cgc     444
Leu Asp Asp Ala Gly Val Gly Ser Gly Glu Val Ala Ala Val Ile Arg
            115                 120                 125

aat gcg ctc gtc gcc ccg gtg ctc acc gcg cac ccg acg gaa acc cga    ·492
Asn Ala Leu Val Ala Pro Val Leu Thr Ala His Pro Thr Glu Thr Arg
            130                 135                 140

cgt cgt acc gtg ttc gac gcg cag aag cac atc acc gcc ctg atg gag     540
Arg Arg Thr Val Phe Asp Ala Gln Lys His Ile Thr Ala Leu Met Glu
145                 150                 155

gaa cgc cac ctc ctc ctg gcg ctg ccc acg cat gcc cgg acc cag tcc     588
Glu Arg His Leu Leu Leu Ala Leu Pr  Thr His Ala Arg Thr Gln Ser
```

```
            160                  165                  170                  175
aag ctg gat gac atc gag cgc aac atc cgg cga cgg atc acg atc ctg       636
Lys Leu Asp Asp Ile Glu Arg Asn Ile Arg Arg Arg Ile Thr Ile Leu
                      180                  185                  190
tgg cag acg gcc ctc atc cgt gtg gcc cgt ccc cgc atc gag gat gag       684
Trp Gln Thr Ala Leu Ile Arg Val Ala Arg Pro Arg Ile Glu Asp Glu
                           195                  200                  205
gtc gag gtt gga ctg cgc tac tac aag ctc agc ctg ttg gcc gag atc       732
Val Glu Val Gly Leu Arg Tyr Tyr Lys Leu Ser Leu Leu Ala Glu Ile
                      210                  215                  220
ccc cgc atc aat cat gat gtg acc gtg gaa ctg gcc cgg cgt ttc ggc       780
Pro Arg Ile Asn His Asp Val Thr Val Glu Leu Ala Arg Arg Phe Gly
                 225                  230                  235
ggg gat atc ccc acc acg gcg atg gtc agg ccg gga tcc tgg atc ggc       828
Gly Asp Ile Pro Thr Thr Ala Met Val Arg Pro Gly Ser Trp Ile Gly
240                  245                  250                  255
ggg gac cat gat ggc aac ccc ttc gtc acc gcg gag act gtc acc tac       876
Gly Asp His Asp Gly Asn Pro Phe Val Thr Ala Glu Thr Val Thr Tyr
                           260                  265                  270
gcc acc cat cgg gcc gcg gag acc gtg ctc aag tac tac gtc aag caa       924
Ala Thr His Arg Ala Ala Glu Thr Val Leu Lys Tyr Tyr Val Lys Gln
                      275                  280                  285
ctg cac gcc ctg gaa cac gaa ctc agt ctc tcc gac cgg atg aac gtc       972
Leu His Ala Leu Glu His Glu Leu Ser Leu Ser Asp Arg Met Asn Val
                 290                  295                  300
atc agc gat gag ctg cgt gtg ctt gcc gat gcc ggc cag aat gac atg      1020
Ile Ser Asp Glu Leu Arg Val Leu Ala Asp Ala Gly Gln Asn Asp Met
            305                  310                  315
ccc agc cgg gtt gat gaa ccc tac cgg cgg gcc atc cac ggc atg cgt      1068
```

```
Pro Ser Arg Val Asp Glu Pro Tyr Arg Arg Ala Ile His Gly Met Arg
320             325             330             335

ggc cgg atg ctg gcc acc acg gcc gcc ctg atc ggt gag gag gcg gtc    1116
Gly Arg Met Leu Ala Thr Thr Ala Ala Leu Ile Gly Glu Glu Ala Val
                340             345             350

gag ggc acc tgg ttc aag acc ttc acg ccc tat acc gat acc cac gag    1164
Glu Gly Thr Trp Phe Lys Thr Phe Thr Pro Tyr Thr Asp Thr His Glu
                355             360             365

ttc aaa cgc gac ctc gat atc gtg gat ggt tcc ctg aga atg tcc cgg    1212
Phe Lys Arg Asp Leu Asp Ile Val Asp Gly Ser Leu Arg Met Ser Arg
                370             375             380

gat gac atc atc gcc gat gac cgt ctg gcc atg ctg cgc tcg gcc ctg    1260
Asp Asp Ile Ile Ala Asp Asp Arg Leu Ala Met Leu Arg Ser Ala Leu
385             390             395

gac agc ttc ggg ttc aac ctc tac tcc ctg gat ctg cgc cag aat tcc    1308
Asp Ser Phe Gly Phe Asn Leu Tyr Ser Leu Asp Leu Arg Gln Asn Ser
400             405             410             415

gac ggt ttc gag gat gtc ctc acc gaa ttg ttc gcc acc gcc cag acc    1356
Asp Gly Phe Glu Asp Val Leu Thr Glu Leu Phe Ala Thr Ala Gln Thr
                420             425             430

gag aag aac tac cgc ggg ttg acg gag gcg gag aag ctg gac ctg ctg    1404
Glu Lys Asn Tyr Arg Gly Leu Thr Glu Ala Glu Lys Leu Asp Leu Leu
                435             440             445

atc cgc gaa ctg agc aca ccc cgc ccg ctc atc ccg cac ggg gac ccg    1452
Ile Arg Glu Leu Ser Thr Pro Arg Pro Leu Ile Pro His Gly Asp Pro
                450             455             460

gac tac tcc gag gcc acc aac cgt gaa ctg ggg att ttt tcg aag gcc    1500
Asp Tyr Ser Glu Ala Thr Asn Arg Glu Leu Gly Ile Phe Ser Lys Ala
465             470             475
```

```
gcg gag gcc gtg cgt aaa ttc ggt cct ctc atg gtg ccg cac tgc atc        1548
Ala Glu Ala Val Arg Lys Phe Gly Pro Leu Met Val Pro His Cys Ile
480             485                 490                 495

atc tcc atg gcc tct tcc gtc acg gac atc ctc gaa ccg atg gtg ctg        1596
Ile Ser Met Ala Ser Ser Val Thr Asp Ile Leu Glu Pro Met Val Leu
                500             505                 510

ctc aag gag ttc ggt ctg atc cgg gcc aac ggg aag aac ccg acg ggc        1644
Leu Lys Glu Phe Gly Leu Ile Arg Ala Asn Gly Lys Asn Pro Thr Gly
                515                 520                 525

agc gtc gac gtg atc ccg ctg ttc gag acg atc gat gac ctc cag cgt        1692
Ser Val Asp Val Ile Pro Leu Phe Glu Thr Ile Asp Asp Leu Gln Arg
                530             535                 540

ggc gcg ggc atc ctg gag gaa ttg tgg gac atc gac ctc tac cgc aat        1740
Gly Ala Gly Ile Leu Glu Glu Leu Trp Asp Ile Asp Leu Tyr Arg Asn
                545             550                 555

tac ctt gag cag cgg gac aac gtc cag gag gtc atg ctg ggg tat tcc        1788
Tyr Leu Glu Gln Arg Asp Asn Val Gln Glu Val Met Leu Gly Tyr Ser
560             565                 570                 575

gac tcc aac aag gac ggc ggg tac ttc gcc gcc aac tgg gcg ctt tac        1836
Asp Ser Asn Lys Asp Gly Gly Tyr Phe Ala Ala Asn Trp Ala Leu Tyr
                580             585                 590

gac gcg gag tta cgc ctg gtc gaa cta tgc cgg ggc cgt aat gtc aag        1884
Asp Ala Glu Leu Arg Leu Val Glu Leu Cys Arg Gly Arg Asn Val Lys
                595                 600                 605

ctc cgt ctc ttc cac ggt cgt ggt ggc acg gtg ggt cgt ggc ggt ggc        1932
Leu Arg Leu Phe His Gly Arg Gly Gly Thr Val Gly Arg Gly Gly Gly
                610                 615                 620

ccc tcc tat gat gcg atc ctg gcc cag ccc aag ggc gcg gtc cgg ggt        1980
Pr  Ser Tyr Asp Ala Ile Leu Ala Gln Pr  Lys Gly Ala Val Arg Gly
```

		625					630					635					
gcg	gtg	cgg	gtg	act	gaa	cag	ggc	gag	atc	atc	tcc	gcg	aag	tac	ggt		2028
Ala	Val	Arg	Val	Thr	Glu	Gln	Gly	Glu	Ile	Ile	Ser	Ala	Lys	Tyr	Gly		

	640					645				650					655		
aac	ccg	gat	acg	gca	cgc	cgc	aac	ctt	gag	gcc	ctg	gtg	tcc	gcg	acg		2076
Asn	Pro	Asp	Thr	Ala	Arg	Arg	Asn	Leu	Glu	Ala	Leu	Val	Ser	Ala	Thr		

				660					665					670			
ctg	gag	gca	tcg	ctt	ctg	gat	gat	gtg	gaa	ctg	ccc	aat	cgg	gaa	cgc		2124
Leu	Glu	Ala	Ser	Leu	Leu	Asp	Asp	Val	Glu	Leu	Pro	Asn	Arg	Glu	Arg		

			675					680					685				
gcg	cac	cag	atc	atg	ggg	gag	atc	tcg	gag	ttg	agc	ttc	cgc	agg	tac		2172
Ala	His	Gln	Ile	Met	Gly	Glu	Ile	Ser	Glu	Leu	Ser	Phe	Arg	Arg	Tyr		

			690					695					700				
tca	tca	ctg	gtc	cat	gag	gat	ccc	gga	ttc	atc	cag	tac	ttc	acc	cag		2220
Ser	Ser	Leu	Val	His	Glu	Asp	Pro	Gly	Phe	Ile	Gln	Tyr	Phe	Thr	Gln		

	705					710					715						
tcc	acc	ccc	ctg	cag	gag	atc	gga	tcc	ctc	aac	atc	ggt	tcc	cga	ccc		2268
Ser	Thr	Pro	Leu	Gln	Glu	Ile	Gly	Ser	Leu	Asn	Ile	Gly	Ser	Arg	Pro		

720					725					730					735		
tcc	tca	cgt	aaa	cag	acc	aac	acg	gtg	gag	gat	ctg	cgt	gcc	atc	ccg		2316
Ser	Ser	Arg	Lys	Gln	Thr	Asn	Thr	Val	Glu	Asp	Leu	Arg	Ala	Ile	Pro		

			740					745					750				
tgg	gtg	ctc	agc	tgg	tcc	cag	tcc	cgt	gtc	atg	ctg	ccg	ggc	tgg	ttc		2364
Trp	Val	Leu	Ser	Trp	Ser	Gln	Ser	Arg	Val	Met	Leu	Pro	Gly	Trp	Phe		

			755					760					765				
ggt	gtg	ggt	acc	gca	ctg	cgt	gag	tgg	atc	ggt	gag	ggg	gag	ggg	gct		2412
Gly	Val	Gly	Thr	Ala	Leu	Arg	Glu	Trp	Ile	Gly	Glu	Gly	Glu	Gly	Ala		

			770					775					780				
gcg	gag	cgc	atc	gcg	gag	ctg	cag	gaa	ctc	aac	cgg	tgc	tgg	ccg	ttc		2460

Ala Glu Arg Ile Ala Glu Leu Gln Glu Leu Asn Arg Cys Trp Pro Phe
     785   790   795

ttc acc tcg gtg ctg gac aac atg gcc cag gtg atg agc aag gcg gaa   2508
Phe Thr Ser Val Leu Asp Asn Met Ala Gln Val Met Ser Lys Ala Glu
800   805   810   815

ctg cgc ctg gcc agg ttg tac gcc gat ctc atc ccg gat cgc gag gtg   2556
Leu Arg Leu Ala Arg Leu Tyr Ala Asp Leu Ile Pro Asp Arg Glu Val
        820   825   830

gcg gac cgg atc tat gag acc atc ttc ggg gag tat ttc ctg acc aag   2604
Ala Asp Arg Ile Tyr Glu Thr Ile Phe Gly Glu Tyr Phe Leu Thr Lys
        835   840   845

gag atg ttc tgc acc atc acc ggt tcc cag gac ctg ctc gat gac aac   2652
Glu Met Phe Cys Thr Ile Thr Gly Ser Gln Asp Leu Leu Asp Asp Asn
        850   855   860

ccg gcg ctg gcg cga tcg gtg cgc agt cgg ttc ccg tac ctg ctg ccg   2700
Pro Ala Leu Ala Arg Ser Val Arg Ser Arg Phe Pro Tyr Leu Leu Pro
        865   870   875

ctc aat gtc atc cag gtg gag atg atg cgc cgg tac cgg tcc ggt gat   2748
Leu Asn Val Ile Gln Val Glu Met Met Arg Arg Tyr Arg Ser Gly Asp
880   885   890   895

gag ggc acg gct gtc cca cgt aat atc cgc ctg acc atg aat gga ttg   2796
Glu Gly Thr Ala Val Pro Arg Asn Ile Arg Leu Thr Met Asn Gly Leu
        900   905   910

tcc acg gcc ctg cgc aac tcg ggt tagggcgcca gacgccccgg gaacccgcac   2850
Ser Thr Ala Leu Arg Asn Ser Gly
        915

cctgtgtata ctgtctaaag ttgcccggtg tcatccgggc gtgatggata gacaacttaa   2910
cggcaaagga ttctccccac atggcactga cgcttcaaat cgtcctcgtt ctcgccagcg   2970
tgctcatgac ggtcttcgtc ctgctgcaca agggtaaggg cggaggtctg tcaagcctct   3030

```
tcggtggtgg cgtccagtcc aacctctccg gttccacggt ggtggagaag aacctggacc 3090

gcgtcaccat cctgaccgca gtcatctggt tgatctgcat tgtcgcgctc aacctcatcc 3150

aggcgtactc ctagcacctg atctttcaag gcctgccctt cggggcaggc ctttttttgca 3210

ttctccaggt gatgtccatc acccaccggt tttaaactat tgaccgatag aaacacctgc 3270

actaggttat ctgttatgca atagaaaata gtgcat                            3306
```

[0092]

<210> 26

<211> 919

<212> PRT

<213> Corynebacterium thermoaminogenes

<400> 26

```
Val Asn Glu Leu Leu Arg Asp Asp Ile Arg Tyr Leu Gly Arg Ile Leu
 1               5                  10                  15

Gly Glu Val Ile Ser Glu Gln Glu Gly His His Val Phe Glu Leu Val
                20                  25                  30

Glu Arg Ala Arg Arg Thr Ser Phe Asp Ile Ala Lys Gly Arg Ala Glu
            35                  40                  45

Met Asp Ser Leu Val Glu Val Phe Ala Gly Ile Asp Pro Glu Asp Ala
        50                  55                  60

Thr Pro Val Ala Arg Ala Phe Thr His Phe Ala Leu Leu Ala Asn Leu
65                  70                  75                  80

Ala Glu Asp Leu His Asp Ala Ala Gln Arg Glu Gln Ala Leu Asn Ser
                85                  90                  95

Gly Glu Pro Ala Pro Asp Ser Thr Leu Glu Ala Thr Trp Val Lys Leu
                100                 105                 110

Asp Asp Ala Gly Val Gly Ser Gly Glu Val Ala Ala Val Ile Arg Asn
            115                 120                 125

Ala Leu Val Ala Pro Val Leu Thr Ala His Pro Thr Glu Thr Arg Arg
```

```
            130                    135                    140
Arg Thr Val Phe Asp Ala Gln Lys His Ile Thr Ala L u Met Glu Glu
      145                    150                    155                    160
Arg His Leu Leu Leu Ala Leu Pro Thr His Ala Arg Thr Gln Ser Lys
                   165                    170                    175
Leu Asp Asp Ile Glu Arg Asn Ile Arg Arg Arg Ile Thr Ile Leu Trp
                   180                    185                    190
Gln Thr Ala Leu Ile Arg Val Ala Arg Pro Arg Ile Glu Asp Glu Val
                   195                    200                    205
Glu Val Gly Leu Arg Tyr Tyr Lys Leu Ser Leu Leu Ala Glu Ile Pro
      210                    215                    220
Arg Ile Asn His Asp Val Thr Val Glu Leu Ala Arg Arg Phe Gly Gly
  225                    230                    235                    240
Asp Ile Pro Thr Thr Ala Met Val Arg Pro Gly Ser Trp Ile Gly Gly
                   245                    250                    255
Asp His Asp Gly Asn Pro Phe Val Thr Ala Glu Thr Val Thr Tyr Ala
                   260                    265                    270
Thr His Arg Ala Ala Glu Thr Val Leu Lys Tyr Tyr Val Lys Gln Leu
                   275                    280                    285
His Ala Leu Glu His Glu Leu Ser Leu Ser Asp Arg Met Asn Val Ile
      290                    295                    300
Ser Asp Glu Leu Arg Val Leu Ala Asp Ala Gly Gln Asn Asp Met Pro
305                    310                    315                    320
Ser Arg Val Asp Glu Pro Tyr Arg Arg Ala Ile His Gly Met Arg Gly
                   325                    330                    335
Arg Met Leu Ala Thr Thr Ala Ala Leu Ile Gly Glu Glu Ala Val Glu
      340                    345                    350
Gly Thr Trp Phe Lys Thr Phe Thr Pro Tyr Thr Asp Thr His Glu Phe
      355                    360                    365
```

Lys Arg Asp Leu Asp Ile Val Asp Gly Ser Leu Arg Met Ser Arg Asp
   370   375   380

Asp Ile Ile Ala Asp Asp Arg Leu Ala Met Leu Arg Ser Ala Leu Asp
385   390   395   400

Ser Phe Gly Phe Asn Leu Tyr Ser Leu Asp Leu Arg Gln Asn Ser Asp
         405   410   415

Gly Phe Glu Asp Val Leu Thr Glu Leu Phe Ala Thr Ala Gln Thr Glu
        420   425   430

Lys Asn Tyr Arg Gly Leu Thr Glu Ala Glu Lys Leu Asp Leu Leu Ile
        435   440   445

Arg Glu Leu Ser Thr Pro Arg Pro Leu Ile Pro His Gly Asp Pro Asp
        450   455   460

Tyr Ser Glu Ala Thr Asn Arg Glu Leu Gly Ile Phe Ser Lys Ala Ala
465   470   475   480

Glu Ala Val Arg Lys Phe Gly Pro Leu Met Val Pro His Cys Ile Ile
        485   490   495

Ser Met Ala Ser Ser Val Thr Asp Ile Leu Glu Pro Met Val Leu Leu
        500   505   510

Lys Glu Phe Gly Leu Ile Arg Ala Asn Gly Lys Asn Pro Thr Gly Ser
        515   520   525

Val Asp Val Ile Pro Leu Phe Glu Thr Ile Asp Asp Leu Gln Arg Gly
        530   535   540

Ala Gly Ile Leu Glu Glu Leu Trp Asp Ile Asp Leu Tyr Arg Asn Tyr
545   550   555   560

Leu Glu Gln Arg Asp Asn Val Gln Glu Val Met Leu Gly Tyr Ser Asp
        565   570   575

Ser Asn Lys Asp Gly Gly Tyr Phe Ala Ala Asn Trp Ala Leu Tyr Asp
        580   585   590

Ala Glu Leu Arg Leu Val Glu Leu Cys Arg Gly Arg Asn Val Lys Leu

                    595   600   605
Arg Leu Phe His Gly Arg Gly Gly Thr Val Gly Arg Gly Gly Gly Pr
          610   615   620
Ser Tyr Asp Ala Ile Leu Ala Gln Pro Lys Gly Ala Val Arg Gly Ala
625   630   635   640
Val Arg Val Thr Glu Gln Gly Glu Ile Ile Ser Ala Lys Tyr Gly Asn
                    645   650   655
Pro Asp Thr Ala Arg Arg Asn Leu Glu Ala Leu Val Ser Ala Thr Leu
          660   665   670
Glu Ala Ser Leu Leu Asp Asp Val Glu Leu Pro Asn Arg Glu Arg Ala
          675   680   685
His Gln Ile Met Gly Glu Ile Ser Glu Leu Ser Phe Arg Arg Tyr Ser
          690   695   700
Ser Leu Val His Glu Asp Pro Gly Phe Ile Gln Tyr Phe Thr Gln Ser
705   710   715   720
Thr Pro Leu Gln Glu Ile Gly Ser Leu Asn Ile Gly Ser Arg Pro Ser
                    725   730   735
Ser Arg Lys Gln Thr Asn Thr Val Glu Asp Leu Arg Ala Ile Pro Trp
          740   745   750
Val Leu Ser Trp Ser Gln Ser Arg Val Met Leu Pro Gly Trp Phe Gly
          755   760   765
Val Gly Thr Ala Leu Arg Glu Trp Ile Gly Glu Gly Glu Gly Ala Ala
          770   775   780
Glu Arg Ile Ala Glu Leu Gln Glu Leu Asn Arg Cys Trp Pro Phe Phe
785   790   795   800
Thr Ser Val Leu Asp Asn Met Ala Gln Val Met Ser Lys Ala Glu Leu
          805   810   815
Arg Leu Ala Arg Leu Tyr Ala Asp Leu Ile Pro Asp Arg Glu Val Ala
          820   825   830

```
Asp Arg Ile Tyr Glu Thr Ile Phe Gly Glu Tyr Phe Leu Thr Lys Glu
        835                 840                 845

Met Phe Cys Thr Ile Thr Gly Ser Gln Asp Leu Leu Asp Asp Asn Pro
        850                 855                 860

Ala Leu Ala Arg Ser Val Arg Ser Arg Phe Pro Tyr Leu Leu Pro Leu
865             870                 875                 880

Asn Val Ile Gln Val Glu Met Met Arg Arg Tyr Arg Ser Gly Asp Glu
                885                 890                 895

Gly Thr Ala Val Pro Arg Asn Ile Arg Leu Thr Met Asn Gly Leu Ser
        900                 905                 910

Thr Ala Leu Arg Asn Ser Gly
        915
```

[0093]

<210> 27

<211> 3907

<212> DNA

<213> Corynebacterium thermoaminogenes

<220>

<221> CDS

<222> (686)..(3388)

<400> 27

```
attacttcag ctgactcagc aacattcgta ttaggtatgc aaacaacatt tggttcgtta   60

aatccaagta gtatggttaa agtaacttgg ggtattgctc aagcacttat cgcctttgta  120

ttattattag ctggtggcgg agatggaact aaagctctca acgcaattca gagtgccgct  180

attattagtg cgtttccatt ctcctttgtc gtcatattaa tgatgatcag tttctacaaa  240

gatgctaata agaacgtaa attcttagga ttaacattaa cgcctaataa acacagatta  300

gaagaatacg ttaaatatca acaagaggat tacgaatctg atattttaga aaaacgtgaa  360
```

```
tctagacgta atcgtgaaag agaagaataa ttgaatgaaa tatctactat aatggtgggt 420

ttaaagctat caacaatttt gttgatagct atttttatgt ttcaaacata taaatattat 480

ttacttgcga ttgataacca ttctcaatta ataaaaataa cttatagtac aaatgcgtta 540

taataagttt tacttatact acctgattaa aaatgcgaaa tgaaaaatga cccctttata 600

tacctataca gttgtgttcg aaaacatata ataatacaat ttaactaagg catataaata 660

tatagaaatt caagggggat atcaa atg gct tct aat ttt aaa gaa aca gcg  712
                              Met Ala Ser Asn Phe Lys Glu Thr Ala
                               1                   5

aag aaa caa ttt gat tta aat ggc caa tca tac acg tac tat gat tta  760
Lys Lys Gln Phe Asp Leu Asn Gly Gln Ser Tyr Thr Tyr Tyr Asp Leu
 10                  15                  20                  25

aaa tca tta gaa gaa caa ggt tta act aaa att tca aag tta cct tat  808
Lys Ser Leu Glu Glu Gln Gly Leu Thr Lys Ile Ser Lys Leu Pro Tyr
                     30                  35                  40

tca atc cgt gta tta cta gaa tca gtg tta cgt cag gaa gat gat ttt  856
Ser Ile Arg Val Leu Leu Glu Ser Val Leu Arg Gln Glu Asp Asp Phe
                 45                  50                  55

gta att act gat gat cac att aaa caa tta gca gaa ttt ggc aaa aaa  904
Val Ile Thr Asp Asp His Ile Lys Gln Leu Ala Glu Phe Gly Lys Lys
             60                  65                  70

ggt aac gaa ggt gaa gta cct ttc aaa cca tct cga gtt att tta caa  952
Gly Asn Glu Gly Glu Val Pro Phe Lys Pro Ser Arg Val Ile Leu Gln
         75                  80                  85

gac ttc act ggt gta cca gca gta gtt gac tta gcg tct tta cgt aaa  1000
Asp Phe Thr Gly Val Pro Ala Val Val Asp Leu Ala Ser Leu Arg Lys
 90                  95                  100                 105

gca atg aat gat gtt ggt ggg gat att aat aaa att aac cct gaa gta  1048
Ala Met Asn Asp Val Gly Gly Asp Il Asn Lys Il Asn Pro Glu Val
                 110                 115                 120
```

cca gtt gac tta gtt att gac cac tct gta caa gta gat agt tat gct   1096
Pro Val Asp Leu Val Ile Asp His S r Val Gln Val Asp S r Tyr Ala
                125   130   135

aat cca gat gca tta caa cgt aac atg aaa tta gaa ttt gaa cgt aac   1144
Asn Pro Asp Ala Leu Gln Arg Asn Met Lys Leu Glu Phe Glu Arg Asn
                140   145   150

tat gaa cgt tac caa ttc tta aac tgg gca aca aaa gca ttt gat aac   1192
Tyr Glu Arg Tyr Gln Phe Leu Asn Trp Ala Thr Lys Ala Phe Asp Asn
                155   160   165

tat aat gca gta cca cct gct aca ggt att gtc cac caa gta aac tta   1240
Tyr Asn Ala Val Pro Pro Ala Thr Gly Ile Val His Gln Val Asn Leu
170   175   180   185

gaa tac tta gcg aat gtt gta cat gtt cgt gac gtt gac gga gaa caa   1288
Glu Tyr Leu Ala Asn Val Val His Val Arg Asp Val Asp Gly Glu Gln
                190   195   200

act gct ttc cca gat aca tta gtt ggt act gac tca cat act aca atg   1336
Thr Ala Phe Pro Asp Thr Leu Val Gly Thr Asp Ser His Thr Thr Met
                205   210   215

att aac ggt att ggt gta tta ggt tgg ggt gtc ggc ggt atc gaa gct   1384
Ile Asn Gly Ile Gly Val Leu Gly Trp Gly Val Gly Gly Ile Glu Ala
                220   225   230

gaa gca ggt atg tta gga caa cca tca tac ttc cca att cca gaa gtt   1432
Glu Ala Gly Met Leu Gly Gln Pro Ser Tyr Phe Pro Ile Pro Glu Val
                235   240   245

att ggt gtt aaa tta agt aat gaa tta cca caa ggt tca aca gca act   1480
Ile Gly Val Lys Leu Ser Asn Glu Leu Pr Gln Gly Ser Thr Ala Thr
250   255   260   265

gac tta gca tta cgt gta act gaa gag tta cgt aaa cgt ggt gta gta   1528
Asp Leu Ala Leu Arg Val Thr Glu Glu Leu Arg Lys Arg Gly Val Val

```
                 270                 275                 280
ggt aaa ttc gtt gag ttc ttt ggt cct ggt gta aca aac tta cca tta   1576
Gly Lys Phe Val Glu Phe Phe Gly Pro Gly Val Thr Asn Leu Pro Leu
                     285                 290                 295
gct gac cgt gca aca att gcg aac atg gcg cct gaa tat ggt gca act   1624
Ala Asp Arg Ala Thr Ile Ala Asn Met Ala Pro Glu Tyr Gly Ala Thr
                 300                 305                 310
tgt ggt ttc ttc cca gtt gat gaa gaa tca ctt aaa tac atg aaa tta   1672
Cys Gly Phe Phe Pro Val Asp Glu Glu Ser Leu Lys Tyr Met Lys Leu
         315                 320                 325
act ggt cgt aaa gat gat cat att gca cta gta aaa gaa tat tta caa   1720
Thr Gly Arg Lys Asp Asp His Ile Ala Leu Val Lys Glu Tyr Leu Gln
330                 335                 340                 345
caa aat aat atg ttc ttc caa gtt gaa aat gaa gat cct gaa tat act   1768
Gln Asn Asn Met Phe Phe Gln Val Glu Asn Glu Asp Pro Glu Tyr Thr
                 350                 355                 360
gaa gtg att gat tta gat tta tct aca gtt caa gct tct tta tca ggt   1816
Glu Val Ile Asp Leu Asp Leu Ser Thr Val Gln Ala Ser Leu Ser Gly
                     365                 370                 375
cca aaa cgt cca caa gat tta atc ttc tta agt gac atg aaa act gaa   1864
Pro Lys Arg Pro Gln Asp Leu Ile Phe Leu Ser Asp Met Lys Thr Glu
         380                 385                 390
ttc gaa aaa tca gtt aca gca cca gct ggt aac caa ggt cac ggt tta   1912
Phe Glu Lys Ser Val Thr Ala Pro Ala Gly Asn Gln Gly His Gly Leu
             395                 400                 405
gat gaa agt gaa ttt gat aag aaa gca gaa atc aaa ttt aat gat ggt   1960
Asp Glu Ser Glu Phe Asp Lys Lys Ala Glu Ile Lys Phe Asn Asp Gly
410                 415                 420                 425
aga act tca act atg aag act ggt gat gtt gcg att gca gcg att aca   2008
```

Arg Thr Ser Thr Met Lys Thr Gly Asp Val Ala Ile Ala Ala Ile Thr
                430   435   440

tca tgt aca aat aca tct aac cct tac gtt atg tta ggt gca ggt tta   2056
Ser Cys Thr Asn Thr Ser Asn Pro Tyr Val Met Leu Gly Ala Gly Leu
                445   450   455

gta gct aaa aaa gca att gaa aaa ggc tta aaa gta cct gat tat gta   2104
Val Ala Lys Lys Ala Ile Glu Lys Gly Leu Lys Val Pro Asp Tyr Val
                460   465   470

aaa act tca tta gca cca ggt tca aaa gtt gtt act gga tat tta aga   2152
Lys Thr Ser Leu Ala Pro Gly Ser Lys Val Val Thr Gly Tyr Leu Arg
                475   480   485

gat tca ggt tta caa gaa tat ctt gat gac tta ggt ttc aac tta gtt   2200
Asp Ser Gly Leu Gln Glu Tyr Leu Asp Asp Leu Gly Phe Asn Leu Val
490   495   500   505

ggt tat ggt tgt aca act tgt atc ggt aac tca ggt cca tta tta cct   2248
Gly Tyr Gly Cys Thr Thr Cys Ile Gly Asn Ser Gly Pro Leu Leu Pro
                510   515   520

gaa att gaa aaa gca gta gct gac gaa gat tta tta gta act tct gta   2296
Glu Ile Glu Lys Ala Val Ala Asp Glu Asp Leu Leu Val Thr Ser Val
                525   530   535

ctt tct ggt aac cgt aac ttt gaa ggt cgt atc cat ccg tta gtt aaa   2344
Leu Ser Gly Asn Arg Asn Phe Glu Gly Arg Ile His Pro Leu Val Lys
                540   545   550

gct aac tac tta gct tca cca caa tta gtt gta gct tat gca tta gct   2392
Ala Asn Tyr Leu Ala Ser Pro Gln Leu Val Val Ala Tyr Ala Leu Ala
                555   560   565

gga acg gtt gat atc gat tta cac aat gaa cct atc ggt aaa ggt aaa   2440
Gly Thr Val Asp Ile Asp Leu His Asn Glu Pro Ile Gly Lys Gly Lys
570   575   580   585

```
gat ggc gaa gat gta tac ctt aaa gat atc tgg cca agt atc aaa gaa    2488
Asp Gly Glu Asp Val Tyr Leu Lys Asp Ile Trp Pro Ser Ile Lys Glu
            590                 595                 600

gtt gca gac act gtt gat agt gtc gta acg cca gaa tta ttc tta gaa    2536
Val Ala Asp Thr Val Asp Ser Val Val Thr Pro Glu Leu Phe Leu Glu
            605                 610                 615

gaa tat gca aat gta tac gaa aat aat gaa atg tgg aat gaa atc gac    2584
Glu Tyr Ala Asn Val Tyr Glu Asn Asn Glu Met Trp Asn Glu Ile Asp
            620                 625                 630

gtt act gac gca cca tta tat gat ttc gat cca aat tca act tat att    2632
Val Thr Asp Ala Pro Leu Tyr Asp Phe Asp Pro Asn Ser Thr Tyr Ile
            635                 640                 645

caa aat cca tca ttc ttc caa ggt tta tct aaa gaa cca gga act att    2680
Gln Asn Pro Ser Phe Phe Gln Gly Leu Ser Lys Glu Pro Gly Thr Ile
650                 655                 660                 665

gaa cca tta aaa gat tta cgt att atg ggt aaa ttt ggt gat tca gtt    2728
Glu Pro Leu Lys Asp Leu Arg Ile Met Gly Lys Phe Gly Asp Ser Val
            670                 675                 680

aca act gac cac att tct cca gca ggt gcg atc ggt aaa gat aca cca    2776
Thr Thr Asp His Ile Ser Pro Ala Gly Ala Ile Gly Lys Asp Thr Pro
            685                 690                 695

gca ggt aaa tat tta tta gac cat gat gtt cca att aga gaa ttt aac    2824
Ala Gly Lys Tyr Leu Leu Asp His Asp Val Pro Ile Arg Glu Phe Asn
            700                 705                 710

tct tat ggt tca aga cgt ggt aac cat gaa gta atg gta cgt ggt act    2872
Ser Tyr Gly Ser Arg Arg Gly Asn His Glu Val Met Val Arg Gly Thr
715                 720                 725

ttc gct aat atc cgt att aaa aac caa tta gca cca ggc act gaa ggt    2920
Phe Ala Asn Ile Arg Ile Lys Asn Gln Leu Ala Pro Gly Thr Glu Gly
```

```
        730                     735                     740                     745
gga ttt aca aca tat tgg cct aca gaa gaa atc atg cct atc tat gat    2968
Gly Phe Thr Thr Tyr Trp Pro Thr Glu Glu Ile Met Pro Ile Tyr Asp
                        750                     755                     760
gca gct atg aga tac aaa gaa aat ggt act ggt tta gct gtt tta gct    3016
Ala Ala Met Arg Tyr Lys Glu Asn Gly Thr Gly Leu Ala Val Leu Ala
                        765                     770                     775
ggt aat gat tac ggt atg ggt tca tct cgt gac tgg gca gct aaa ggt    3064
Gly Asn Asp Tyr Gly Met Gly Ser Ser Arg Asp Trp Ala Ala Lys Gly
                        780                     785                     790
act aac tta tta ggt gtt aaa act gtt att gca caa agt tat gaa cgt    3112
Thr Asn Leu Leu Gly Val Lys Thr Val Ile Ala Gln Ser Tyr Glu Arg
                        795                     800                     805
atc cat cgt tca aac tta gta atg atg ggt gta tta cca tta caa ttt    3160
Ile His Arg Ser Asn Leu Val Met Met Gly Val Leu Pro Leu Gln Phe
810                     815                     820                     825
aaa caa ggt gag tca gct gat tct cta ggt tta gaa ggt aaa gaa gaa    3208
Lys Gln Gly Glu Ser Ala Asp Ser Leu Gly Leu Glu Gly Lys Glu Glu
                        830                     835                     840
att tct gta gat atc gat gaa aat gtt aaa cca cat gat tta gta act    3256
Ile Ser Val Asp Ile Asp Glu Asn Val Lys Pro His Asp Leu Val Thr
                        845                     850                     855
gtt cat gct aaa aaa gaa aac gga gaa gtt gtt gat ttt gaa gca atg    3304
Val His Ala Lys Lys Glu Asn Gly Glu Val Val Asp Phe Glu Ala Met
                        860                     865                     870
gtt cgt ttc gat tca tta gta gaa tta gat tat tat cgt cat ggt ggt    3352
Val Arg Phe Asp Ser Leu Val Glu Leu Asp Tyr Tyr Arg His Gly Gly
                        875                     880                     885
atc tta caa atg gta tta aga aac aaa tta gct caa taatcacaat    3398
Ile Leu Gln Met Val Leu Arg Asn Lys Leu Ala Gln
```

Ile Leu Gln Met Val Leu Arg Asn Lys Leu Ala Gln

890   895   900

gtgacttttg acagtgctaa cgtttaggtt agcactgttt ttttatgcta aactatatat 3458

gtaatgttaa tagttaagga aggattggac ttaaatgatt tatagtttga ctgaaattga 3518

accaagatat caagagacag ataaaatggg cgtgatttat catggcaatt atgcaacatg 3578

gtttgaagta gcgcgtacag attacattag aaaactagga tttagttatg ctgatatgga 3638

aaagcaaggg atcatttctc cagttacaga cttaaatatc aaatataaaa atcaattttt 3698

ttatcctgaa aaagtaacca ttaaaacatg ggtggaaaaa tattcaagat tacgttctgt 3758

gtatagatat gaattttta atgaacaggg agaacttgca actacaggtt atactgagtt 3818

aatttgtatg aaagctgata cctttagacc aattagatta gatcgttatt tctcagattg 3878

gcatgaaacc tatagtaaag ttgaagctt   3907

【０ ０ ９ ４ 】

<210> 28

<211> 901

<212> PRT

<213> Corynebacterium thermoaminogenes

<400> 28

Met Ala Ser Asn Phe Lys Glu Thr Ala Lys Lys Gln Phe Asp Leu Asn

1   5   10   15

Gly Gln Ser Tyr Thr Tyr Tyr Asp Leu Lys Ser Leu Glu Glu Gln Gly

            20   25   30

Leu Thr Lys Ile Ser Lys Leu Pro Tyr Ser Ile Arg Val Leu Leu Glu

        35   40   45

Ser Val Leu Arg Gln Glu Asp Asp Phe Val Ile Thr Asp Asp His Ile

        50   55   60

Lys Gln Leu Ala Glu Phe Gly Lys Lys Gly Asn Glu Gly Glu Val Pr

65   70   75   80

Phe Lys Pr Ser Arg Val Ile Leu Gln Asp Phe Thr Gly Val Pr Ala

				85					90					95	

Val Val Asp Leu Ala Ser Leu Arg Lys Ala Met Asn Asp Val Gly Gly

				100					105					110	

Asp Ile Asn Lys Ile Asn Pro Glu Val Pro Val Asp Leu Val Ile Asp

				115					120					125	

His Ser Val Gln Val Asp Ser Tyr Ala Asn Pro Asp Ala Leu Gln Arg

				130					135					140	

Asn Met Lys Leu Glu Phe Glu Arg Asn Tyr Glu Arg Tyr Gln Phe Leu

				145					150					155		160

Asn Trp Ala Thr Lys Ala Phe Asp Asn Tyr Asn Ala Val Pro Pro Ala

					165					170					175	

Thr Gly Ile Val His Gln Val Asn Leu Glu Tyr Leu Ala Asn Val Val

					180					185					190	

His Val Arg Asp Val Asp Gly Glu Gln Thr Ala Phe Pro Asp Thr Leu

				195					200					205	

Val Gly Thr Asp Ser His Thr Thr Met Ile Asn Gly Ile Gly Val Leu

				210					215					220	

Gly Trp Gly Val Gly Gly Ile Glu Ala Glu Ala Gly Met Leu Gly Gln

225					230					235					240

Pro Ser Tyr Phe Pro Ile Pro Glu Val Ile Gly Val Lys Leu Ser Asn

					245					250					255	

Glu Leu Pro Gln Gly Ser Thr Ala Thr Asp Leu Ala Leu Arg Val Thr

				260					265					270	

Glu Glu Leu Arg Lys Arg Gly Val Val Gly Lys Phe Val Glu Phe Phe

				275					280					285	

Gly Pr Gly Val Thr Asn Leu Pr Leu Ala Asp Arg Ala Thr Ile Ala

				290					295					300	

Asn Met Ala Pro Glu Tyr Gly Ala Thr Cys Gly Phe Phe Pro Val Asp

305					310					315					320

出証特２０００－３０９３６１３

Glu Glu Ser Leu Lys Tyr Met Lys Leu Thr Gly Arg Lys Asp Asp His
          325   330   335

Ile Ala Leu Val Lys Glu Tyr Leu Gln Gln Asn Asn Met Phe Phe Gln
          340   345   350

Val Glu Asn Glu Asp Pro Glu Tyr Thr Glu Val Ile Asp Leu Asp Leu
          355   360   365

Ser Thr Val Gln Ala Ser Leu Ser Gly Pro Lys Arg Pro Gln Asp Leu
          370   375   380

Ile Phe Leu Ser Asp Met Lys Thr Glu Phe Glu Lys Ser Val Thr Ala
385   390   395   400

Pro Ala Gly Asn Gln Gly His Gly Leu Asp Glu Ser Glu Phe Asp Lys
          405   410   415

Lys Ala Glu Ile Lys Phe Asn Asp Gly Arg Thr Ser Thr Met Lys Thr
          420   425   430

Gly Asp Val Ala Ile Ala Ala Ile Thr Ser Cys Thr Asn Thr Ser Asn
          435   440   445

Pro Tyr Val Met Leu Gly Ala Gly Leu Val Ala Lys Lys Ala Ile Glu
          450   455   460

Lys Gly Leu Lys Val Pro Asp Tyr Val Lys Thr Ser Leu Ala Pro Gly
465   470   475   480

Ser Lys Val Val Thr Gly Tyr Leu Arg Asp Ser Gly Leu Gln Glu Tyr
          485   490   495

Leu Asp Asp Leu Gly Phe Asn Leu Val Gly Tyr Gly Cys Thr Thr Cys
          500   505   510

Ile Gly Asn Ser Gly Pro Leu Leu Pro Glu Ile Glu Lys Ala Val Ala
          515   520   525

Asp Glu Asp Leu Leu Val Thr Ser Val Leu Ser Gly Asn Arg Asn Phe
          530   535   540

Glu Gly Arg Ile His Pro Leu Val Lys Ala Asn Tyr Leu Ala Ser Pr

```
          545                550                555                560
Gln Leu Val Val Ala Tyr Ala Leu Ala Gly Thr Val Asp Ile Asp Leu
                    565                570                575
His Asn Glu Pro Ile Gly Lys Gly Lys Asp Gly Glu Asp Val Tyr Leu
                    580                585                590
Lys Asp Ile Trp Pro Ser Ile Lys Glu Val Ala Asp Thr Val Asp Ser
                    595                600                605
Val Val Thr Pro Glu Leu Phe Leu Glu Glu Tyr Ala Asn Val Tyr Glu
          610                615                620
Asn Asn Glu Met Trp Asn Glu Ile Asp Val Thr Asp Ala Pro Leu Tyr
625                630                635                640
Asp Phe Asp Pro Asn Ser Thr Tyr Ile Gln Asn Pro Ser Phe Phe Gln
                    645                650                655
Gly Leu Ser Lys Glu Pro Gly Thr Ile Glu Pro Leu Lys Asp Leu Arg
                    660                665                670
Ile Met Gly Lys Phe Gly Asp Ser Val Thr Thr Asp His Ile Ser Pro
                    675                680                685
Ala Gly Ala Ile Gly Lys Asp Thr Pro Ala Gly Lys Tyr Leu Leu Asp
          690                695                700
His Asp Val Pro Ile Arg Glu Phe Asn Ser Tyr Gly Ser Arg Arg Gly
705                710                715                720
Asn His Glu Val Met Val Arg Gly Thr Phe Ala Asn Ile Arg Ile Lys
                    725                730                735
Asn Gln Leu Ala Pro Gly Thr Glu Gly Gly Phe Thr Thr Tyr Trp Pro
                    740                745                750
Thr Glu Glu Ile Met Pro Ile Tyr Asp Ala Ala Met Arg Tyr Lys Glu
          755                760                765
Asn Gly Thr Gly Leu Ala Val Leu Ala Gly Asn Asp Tyr Gly Met Gly
          770                775                780
```

```
Ser Ser Arg Asp Trp Ala Ala Lys Gly Thr Asn Leu Leu Gly Val Lys
785                 790                 795                 800
Thr Val Ile Ala Gln Ser Tyr Glu Arg Ile His Arg Ser Asn Leu Val
                805                 810                 815
Met Met Gly Val Leu Pro Leu Gln Phe Lys Gln Gly Glu Ser Ala Asp
            820                 825                 830
Ser Leu Gly Leu Glu Gly Lys Glu Glu Ile Ser Val Asp Ile Asp Glu
                835                 840                 845
Asn Val Lys Pro His Asp Leu Val Thr Val His Ala Lys Lys Glu Asn
        850                 855                 860
Gly Glu Val Val Asp Phe Glu Ala Met Val Arg Phe Asp Ser Leu Val
865                 870                 875                 880
Glu Leu Asp Tyr Tyr Arg His Gly Gly Ile Leu Gln Met Val Leu Arg
                885                 890                 895
Asn Lys Leu Ala Gln
            900
```

【0095】

<210> 29

<211> 3006

<212> DNA

<213> Corynebacterium thermoaminogenes

<220>

<221> CDS

<222> (328)..(2514)

<400> 29

```
gtcgacgacg aacccccac cgccgaacca gccgccgatc tggtgtggga gacacccggg 60
ttctcctccc tgggtgaaca ggtgccacaa ccccgtccca acaggcacac ctaccactgg 120
```

atcgccgggg agagcagcat ggtcacacgc ctgcggcgtg ccctggtgaa ggatcacggc 180

ctggacagat cgcaggtggc attcatgggt tattggaggc agggagtggc catgaggggt 240

tgatatcgct tccctgaggg tccgcaggcg tgcctcaccc tgtattcttg atagttgaac 300

aaaagagccc acataacaag gagactc atg gct aag atc atc tgg acc cgc acc 354
                                     Met Ala Lys Ile Ile Trp Thr Arg Thr
                                      1   5

gac gaa gca ccg ctg ctc gcg acc tac tcg ctg aag ccg gtc gtc gag   402
Asp Glu Ala Pro Leu Leu Ala Thr Tyr Ser Leu Lys Pro Val Val Glu
 10   15   20   25

gct ttc gcc gcc acc gcg ggc atc gag gtg gag acc cgc gat atc tct   450
Ala Phe Ala Ala Thr Ala Gly Ile Glu Val Glu Thr Arg Asp Ile Ser
                30   35   40

ctc gcc ggt cgc atc ctc gca cag ttc gcg gac cag ctc ccc gag gag   498
Leu Ala Gly Arg Ile Leu Ala Gln Phe Ala Asp Gln Leu Pro Glu Glu
                45   50   55

cag aag gtc tcc gac gcc ctc gcc gag ctc ggc gaa ctg gct aag acc   546
Gln Lys Val Ser Asp Ala Leu Ala Glu Leu Gly Glu Leu Ala Lys Thr
                60   65   70

ccc gaa gcc aac atc atc aag ctt ccc aac atc tcc gca tcc gta ccg   594
Pro Glu Ala Asn Ile Ile Lys Leu Pro Asn Ile Ser Ala Ser Val Pro
 75   80   85

cag ctc aag gct gcc gta aag gaa ctg cag gaa cag ggc tac gac ctg   642
Gln Leu Lys Ala Ala Val Lys Glu Leu Gln Glu Gln Gly Tyr Asp Leu
90   95   100   105

ccc gag tac gag gat gcc aag gac cgc tac gcc gct gtc atc ggc tcc   690
Pro Glu Tyr Glu Asp Ala Lys Asp Arg Tyr Ala Ala Val Ile Gly Ser
               110   115   120

aac gtc aac ccg gtc ctg cgc gag ggc aac tcc gac cgc cgc gca ccg   738
Asn Val Asn Pr Val Leu Arg Glu Gly Asn Ser Asp Arg Arg Ala Pr

```
                    125                    130                      135
gtg gcc gtg aag aac ttc gtg aag aag ttc ccc cac cgc atg ggc gag      786
Val Ala Val Lys Asn Phe Val Lys Lys Phe Pro His Arg Met Gly Glu
                140                    145                    150
tgg tcc gcc gac tcc aag acc aac gtt gcc acc atg ggt gcc gac gac      834
Trp Ser Ala Asp Ser Lys Thr Asn Val Ala Thr Met Gly Ala Asp Asp
               155                    160                    165
ttc cgc agc aat gag aag tcc gtg atc atg gac gag gcc gac acc gtg      882
Phe Arg Ser Asn Glu Lys Ser Val Ile Met Asp Glu Ala Asp Thr Val
170                    175                    180                    185
gtg atc aag cat gtc gcc gcc gac ggc acc gag acc gtg ctc aag gac      930
Val Ile Lys His Val Ala Ala Asp Gly Thr Glu Thr Val Leu Lys Asp
            190                    195                    200
agc ctc ccc ctg ctc aag ggt gag gtc atc gac ggc acc ttc atc tcc      978
Ser Leu Pro Leu Leu Lys Gly Glu Val Ile Asp Gly Thr Phe Ile Ser
                205                    210                    215
gcc aag gca ctg gac gcc ttc ctg ctc gac cag gtc aaa cgc gcc aag     1026
Ala Lys Ala Leu Asp Ala Phe Leu Leu Asp Gln Val Lys Arg Ala Lys
                220                    225                    230
gag gag ggc atc ctc ttc tcc gcc cac atg aag gcc acc atg atg aag     1074
Glu Glu Gly Ile Leu Phe Ser Ala His Met Lys Ala Thr Met Met Lys
                235                    240                    245
gtc tcc gac ccg atc atc ttc ggc cac atc gtc cgc gcc tac ttc gcc     1122
Val Ser Asp Pro Ile Ile Phe Gly His Ile Val Arg Ala Tyr Phe Ala
250                    255                    260                    265
gat gtc tac gca cag tac ggt gag cag ctg ctc gcc gcc ggc ctc aac     1170
Asp Val Tyr Ala Gln Tyr Gly Glu Gln Leu Leu Ala Ala Gly Leu Asn
                270                    275                    280
ggt gag aac ggt ctc gcc gcc atc tac gcc ggc ctg gac aag ctg gac     1218
```

Gly Glu Asn Gly Leu Ala Ala Ile Tyr Ala Gly Leu Asp Lys Leu Asp
                285   290   295

aac ggt gcc gag atc aag gca gcc ttc gac aag ggc ctg gaa gag ggc   1266
Asn Gly Ala Glu Ile Lys Ala Ala Phe Asp Lys Gly Leu Glu Glu Gly
                300   305   310

ccc gac ctg gcc atg gtg aac tcc gcc aag ggc atc acc aac ctg cat   1314
Pro Asp Leu Ala Met Val Asn Ser Ala Lys Gly Ile Thr Asn Leu His
                315   320   325

gtg ccc tcc gat gtc atc atc gac gcc tcc atg ccc gcc atg atc cgc   1302
Val Pro Ser Asp Val Ile Ile Asp Ala Ser Met Pro Ala Met Ile Arg
330   335   340   345

acc tcc ggc aag atg tgg aac aag gac gac cag acc cag gat gcc ctg   1410
Thr Ser Gly Lys Met Trp Asn Lys Asp Asp Gln Thr Gln Asp Ala Leu
                350   355   360

gct gtc atc ccg gac tcc tcc tac gcc ggt gtc tac cag acc gtc atc   1458
Ala Val Ile Pro Asp Ser Ser Tyr Ala Gly Val Tyr Gln Thr Val Ile
                365   370   375

gag gac tgc cgc aag aat ggc gcc ttc gat ccg acc acc atg ggc acc   1506
Glu Asp Cys Arg Lys Asn Gly Ala Phe Asp Pro Thr Thr Met Gly Thr
                380   385   390

gtc ccc aac gtc ggt ctg atg gca cag aag gcc gag gag tac ggc tcc   1554
Val Pro Asn Val Gly Leu Met Ala Gln Lys Ala Glu Glu Tyr Gly Ser
                395   400   405

cac gac aag acc ttc cgt atc gag gcc gac ggc aag gta cag gtc gtc   1602
His Asp Lys Thr Phe Arg Ile Glu Ala Asp Gly Lys Val Gln Val Val
410   415   420   425

gcc tcc aac ggt gat gtc ctc atc gag cac gac gtg gag aag ggc gac   1650
Ala Ser Asn Gly Asp Val Leu Ile Glu His Asp Val Glu Lys Gly Asp
                430   435   440

atc tgg cgc gcc tgc cag acc aag gac gcc ccg atc cag gac tgg gtc   1698
Ile Trp Arg Ala Cys Gln Thr Lys Asp Ala Pro Ile Gln Asp Trp Val
              445   450   455

aag ctg gct gtc aac cgc gca cgt ctc tcc ggc atg ccc gct gtg ttc   1746
Lys Leu Ala Val Asn Arg Ala Arg Leu Ser Gly Met Pro Ala Val Phe
              460   465   470

tgg ctg gat ccc gcc cgc gca cac gac cgc aac ctg acc aca ctg gtg   1794
Trp Leu Asp Pro Ala Arg Ala His Asp Arg Asn Leu Thr Thr Leu Val
              475   480   485

gag aag tac ctg gca gac cac gac acc gag ggc ctg gac atc cag atc   1842
Glu Lys Tyr Leu Ala Asp His Asp Thr Glu Gly Leu Asp Ile Gln Ile
490   495   500   505

ctc tcc ccc gtc gag gcc acc cag cac gcc atc gac cgc atc cgc cgc   1890
Leu Ser Pro Val Glu Ala Thr Gln His Ala Ile Asp Arg Ile Arg Arg
              510   515   520

ggc gag gac acc atc tcc gtc acc ggt aac gtc ctg cgt gac tac aac   1938
Gly Glu Asp Thr Ile Ser Val Thr Gly Asn Val Leu Arg Asp Tyr Asn
              525   530   535

acc gac ctc ttc ccg atc ctc gag ctg ggc acc tcc gcc aag atg ctc   1986
Thr Asp Leu Phe Pro Ile Leu Glu Leu Gly Thr Ser Ala Lys Met Leu
              540   545   550

tcc gtc gtg cca ctg atg gcc ggc ggt gga ctc ttc gag acc ggt gcc   2034
Ser Val Val Pro Leu Met Ala Gly Gly Gly Leu Phe Glu Thr Gly Ala
              555   560   565

ggt ggc tcc gcc ccg aag cac gtc cag cag gtc atc gag gaa aac cac   2082
Gly Gly Ser Ala Pro Lys His Val Gln Gln Val Ile Glu Glu Asn His
570   575   580   585

ctg cgc tgg gat tcc ctc ggt gag ttc ctg gcc ctg gcc gag tcc ttc   2130
L u Arg Trp Asp Ser Leu Gly Glu Phe Leu Ala Leu Ala Glu Ser Phe

```
                590                    595                    600
cgc cac gag ctc aac acc cgc aac aac acc aag gcc ggt gtc ctc gcc   2178
Arg His Glu Leu Asn Thr Arg Asn Asn Thr Lys Ala Gly Val Leu Ala
                605                    610                    615
gat gcc ctg gac cgt gcg acc gag aag ctc ctc aac gag gag aag tcc   2226
Asp Ala Leu Asp Arg Ala Thr Glu Lys Leu Leu Asn Glu Glu Lys Ser
                620                    625                    630
ccg tcc cgc aag gtc ggc gag atc gac aac cgt ggt tcc cac ttc tgg   2274
Pro Ser Arg Lys Val Gly Glu Ile Asp Asn Arg Gly Ser His Phe Trp
                635                    640                    645
ctg gcc acc tac tgg gcc gat gaa ctg gcc aac cag acc gag gac gcc   2322
Leu Ala Thr Tyr Trp Ala Asp Glu Leu Ala Asn Gln Thr Glu Asp Ala
           650                    655                    660                    665
gag ctg gct gag acc ttc gcc cct gtc gcc gag gcc ctg aac aac cag   2370
Glu Leu Ala Glu Thr Phe Ala Pro Val Ala Glu Ala Leu Asn Asn Gln
                670                    675                    680
gct gcc gac atc gac gca gca ctc atc ggt gag cag ggc aag cct gtc   2418
Ala Ala Asp Ile Asp Ala Ala Leu Ile Gly Glu Gln Gly Lys Pro Val
                685                    690                    695
gac ctg ggt ggc tac tac gca ccc tcc gat gag aag acc tcc gcg atc   2466
Asp Leu Gly Gly Tyr Tyr Ala Pro Ser Asp Glu Lys Thr Ser Ala Ile
           700                    705                    710
atg cgc ccg gtg gcc gca ttc aac gag atc atc gac tcc ctg aag aag   2514
Met Arg Pro Val Ala Ala Phe Asn Glu Ile Ile Asp Ser Leu Lys Lys
                715                    720                    725
taaccccttc tccggagccg acagccgacg gccacgctcc cccgcccacg ggggatcgtg  2574
gccgtcggcc gtttctggca ctggagtgaa cacttcggtg ataatggtga gatgaacagc  2634
ccccgtgtcc ccgccatcct gtccgccgtt tccgccgtgg gtctgatcgc tgcgctgggc  2694
accccgttg ccgtcgcaga caccatcacc gcggacaccg accgggaaac ctgcgtggcc  2754
```

agccagaatg acaactccag cgtgatcagg ttctgggatg acctggaggc cgatgtccgt 2814

gagcagcgcc tgaccgaact ggatgcacag gaccccggcc tcaagaacga catcgaggcc 2874

ttcatcgccg aggacccggt agccccctcc gcagccgatc tccagagacg gctggatgca 2934

aatgacgccg gtgagggcct ggccatgctg ctacctgaat cccgcaccga ccccgaggtg 2994

gtggacctgc ag 3006

[0096]

<210> 30

<211> 729

<212> PRT

<213> Corynebacterium thermoaminogenes

<400> 30

Met Ala Lys Ile Ile Trp Thr Arg Thr Asp Glu Ala Pro Leu Leu Ala
1   5   10   15

Thr Tyr Ser Leu Lys Pro Val Val Glu Ala Phe Ala Ala Thr Ala Gly
            20   25   30

Ile Glu Val Glu Thr Arg Asp Ile Ser Leu Ala Gly Arg Ile Leu Ala
        35   40   45

Gln Phe Ala Asp Gln Leu Pro Glu Glu Gln Lys Val Ser Asp Ala Leu
    50   55   60

Ala Glu Leu Gly Glu Leu Ala Lys Thr Pro Glu Ala Asn Ile Ile Lys
65   70   75   80

Leu Pro Asn Ile Ser Ala Ser Val Pro Gln Leu Lys Ala Ala Val Lys
                85   90   95

Glu Leu Gln Glu Gln Gly Tyr Asp Leu Pro Glu Tyr Glu Asp Ala Lys
            100   105   110

Asp Arg Tyr Ala Ala Val Ile Gly Ser Asn Val Asn Pr Val Leu Arg
            115   120   125

Glu Gly Asn Ser Asp Arg Arg Ala Pro Val Ala Val Lys Asn Phe Val

```
            130                   135                   140
Lys Lys Phe Pro His Arg Met Gly Glu Trp Ser Ala Asp Ser Lys Thr
145                   150                   155                   160
Asn Val Ala Thr Met Gly Ala Asp Asp Phe Arg Ser Asn Glu Lys Ser.
                  165                   170                   175
Val Ile Met Asp Glu Ala Asp Thr Val Val Ile Lys His Val Ala Ala
                  180                   185                   190
Asp Gly Thr Glu Thr Val Leu Lys Asp Ser Leu Pro Leu Leu Lys Gly
              195                   200                   205
Glu Val Ile Asp Gly Thr Phe Ile Ser Ala Lys Ala Leu Asp Ala Phe
      210                   215                   220
Leu Leu Asp Gln Val Lys Arg Ala Lys Glu Glu Gly Ile Leu Phe Ser
225                   230                   235                   240
Ala His Met Lys Ala Thr Met Met Lys Val Ser Asp Pro Ile Ile Phe
                  245                   250                   255
Gly His Ile Val Arg Ala Tyr Phe Ala Asp Val Tyr Ala Gln Tyr Gly
              260                   265                   270
Glu Gln Leu Leu Ala Ala Gly Leu Asn Gly Glu Asn Gly Leu Ala Ala
          275                   280                   285
Ile Tyr Ala Gly Leu Asp Lys Leu Asp Asn Gly Ala Glu Ile Lys Ala
      290                   295                   300
Ala Phe Asp Lys Gly Leu Glu Glu Gly Pro Asp Leu Ala Met Val Asn
305                   310                   315                   320
Ser Ala Lys Gly Ile Thr Asn Leu His Val Pro Ser Asp Val Ile Ile
                  325                   330                   335
Asp Ala Ser Met Pro Ala Met Ile Arg Thr Ser Gly Lys Met Trp Asn
              340                   345                   350
Lys Asp Asp Gln Thr Gln Asp Ala Leu Ala Val Ile Pro Asp Ser Ser
          355                   360                   365
```

Tyr Ala Gly Val Tyr Gln Thr Val Ile Glu Asp Cys Arg Lys Asn Gly
    370   375   380

Ala Phe Asp Pro Thr Thr Met Gly Thr Val Pro Asn Val Gly Leu Met
385   390   395   400

Ala Gln Lys Ala Glu Glu Tyr Gly Ser His Asp Lys Thr Phe Arg Ile
        405   410   415

Glu Ala Asp Gly Lys Val Gln Val Val Ala Ser Asn Gly Asp Val Leu
            420   425   430

Ile Glu His Asp Val Gly Asp Gly Asp Ile Trp Arg Ala Cys Gln Thr
        435   440   445

Lys Asp Ala Pro Ile Gln Asp Trp Val Lys Leu Ala Val Asn Arg Ala
        450   455   460

Arg Leu Ser Gly Met Pro Ala Val Phe Trp Leu Asp Pro Ala Arg Ala
465   470   475   480

His Asp Arg Asn Leu Thr Thr Leu Val Glu Lys Tyr Leu Ala Asp His
            485   490   495

Asp Thr Glu Gly Leu Asp Ile Gln Ile Leu Ser Pro Val Glu Ala Thr
        500   505   510

Gln His Ala Ile Asp Arg Ile Arg Arg Gly Glu Asp Thr Ile Ser Val
        515   520   525

Thr Gly Asn Val Leu Arg Asp Tyr Asn Thr Asp Leu Phe Pro Ile Leu
        530   535   540

Glu Leu Gly Thr Ser Ala Lys Met Leu Ser Val Val Pro Leu Met Ala
545   550   555   560

Gly Gly Gly Leu Phe Glu Thr Gly Ala Gly Gly Ser Ala Pro Lys His
            565   570   575

Val Gln Gln Val Ile Glu Glu Asn His Leu Arg Trp Asp Ser Leu Gly
            580   585   590

Glu Phe Leu Ala Leu Ala Glu Ser Phe Arg His Glu Leu Asn Thr Arg

```
        595                600                605
Asn Asn Thr Lys Ala Gly Val Leu Ala Asp Ala Leu Asp Arg Ala Thr
        610                615                620
Glu Lys Leu Leu Asn Glu Glu Lys Ser Pro Ser Arg Lys Val Gly Glu
625                630                635                640
Ile Asp Asn Arg Gly Ser His Phe Trp Leu Ala Thr Tyr Trp Ala Asp
                   645                650                655
Glu Leu Ala Asn Gln Thr Glu Asp Ala Glu Leu Ala Glu Thr Phe Ala
                   660                665                670
Pro Val Ala Glu Ala Leu Asn Asn Gln Ala Ala Asp Ile Asp Ala Ala
        675                680                685
Leu Ile Gly Glu Gln Gly Lys Pro Val Asp Leu Gly Gly Tyr Tyr Ala
        690                695                700
Pro Ser Asp Glu Lys Thr Ser Ala Ile Met Arg Pro Val Ala Ala Phe
705                710                715                720
Asn Glu Ile Ile Asp Ser Leu Lys Lys
        725
```

【0097】

<210> 31

<211> 2322

<212> DNA

<213> Corynebacterium thermoaminogenes

<220>

<221> CDS

<222> (806)..(2212)

<400> 31

ggtacccccа cgtaccctag gccatcacag caattttac atcggatatt ttaggtgtgc 60

tcataacgtc cttatgaatt tcgcagttat tagttattta aatagagaat caaactccga 120

cctagcctct gccgatgcta aaagtcagct gaccccttgg ggcgcttcat ttgaaactgc 180

gaccaagctc atgaatgcgc gaaagcattt ccattataag ggtaagctgt aagaatagtg 240

ggagaaaatg ttcagtcgtg ttctaactca cttgagaaat tccatttttc tgggcttctc 300

tcaaatagat taagtggccc gtatgctgga tttctagaat atttagaagc gcgccaactc 360

atgattatgt attgtataag cctcaaagac cgaatagatt actaacattt aagtggacca 420

gagcgttaga agctttgtag agtgctcatt ccttgctgac ggcaagggtt tcctaccatg 480

agatagatcg gcagatagtt ggtttgtaaa aatttttaag gacggtccgc aatgtcaatt 540

cttgaacaga tcatcttctt catcaacacc atcttgggtt atggtctgca cgctggttct 600

tccgcttcca gcaacctttc tcacacgatc ggcctgttct aggcctaatt ggtaataagg 660

ctgtgtaaca gtcgcccgcg tgattgtgtc tttttaggcg cccgcgcggg cgattttcgg 720

ttttcatctt ttttaaattg agtttggaag atcaagtgcc cccggatgca cgacaatgct 780

atgccgaaca cgtattgttg aaatc gtg act gaa cat tat gac gta gta gta 832
           Val Thr Glu His Tyr Asp Val Val Val
            1   5

ctc gga gct ggc ccc ggt ggc tat gtc tcc gcc atc cgc gcc gcg cag 880
Leu Gly Ala Gly Pro Gly Gly Tyr Val Ser Ala Ile Arg Ala Ala Gln
10   15   20   25

ctc ggt aag aaa gtt gcg gtt atc gag aag cag tac tgg gga ggt gtc 928
Leu Gly Lys Lys Val Ala Val Ile Glu Lys Gln Tyr Trp Gly Gly Val
     30   35   40

tgc ctg aat gtg ggt tgt atc cca tct aag gcg ttg atc aag aac gct 976
Cys Leu Asn Val Gly Cys Ile Pro Ser Lys Ala Leu Ile Lys Asn Ala
     45   50   55

gag atc gcc cac atc ttc aac cat gag aag aag acc ttc ggc atc aac 1024
Glu Ile Ala His Ile Phe Asn His Glu Lys Lys Thr Phe Gly Ile Asn
     60   65   70

ggc gag gtc acc ttc aac tac gag gat gcc cac aag cgt tcc cgt ggt 1072
Gly Glu Val Thr Phe Asn Tyr Glu Asp Ala His Lys Arg Ser Arg Gly

```
                75                      80                      85
gtc tcc gac aag atc gtc ggc ggt gtt cac tac ttg atg aag aag aac   1120
Val Ser Asp Lys Ile Val Gly Gly Val His Tyr Leu Met Lys Lys Asn
                90                      95                     100             105
aag atc acc gag atc gac ggt ttc ggc acc ttc aag gat gcc aag acc   1168
Lys Ile Thr Glu Ile Asp Gly Phe Gly Thr Phe Lys Asp Ala Lys Thr
                          110                     115                     120
atc gag gtg acc gat ggt aag gat gcc ggc aag acc gtc acc ttc gat   1216
Ile Glu Val Thr Asp Gly Lys Asp Ala Gly Lys Thr Val Thr Phe Asp
                          125                     130                     135
gac tgc atc atc gcc acc ggt tcc gtg gtc aac tcc ctc cgt ggt gtt   1264
Asp Cys Ile Ile Ala Thr Gly Ser Val Val Asn Ser Leu Arg Gly Val
                          140                     145                     150
gag ttc tcc gag aac gtg gtc tcc tac gag gag cag atc ctc aac ccg   1312
Glu Phe Ser Glu Asn Val Val Ser Tyr Glu Glu Gln Ile Leu Asn Pro
                155                     160                     165
gtg gcg cct aag aag atg gtc atc gtc ggt ggc ggc gcc atc ggt atg   1360
Val Ala Pro Lys Lys Met Val Ile Val Gly Gly Gly Ala Ile Gly Met
170                     175                     180                     185
gaa ttc gcc tac gtt ctg ggc aac tac ggt gtg gac gta acc ctc atc   1408
Glu Phe Ala Tyr Val Leu Gly Asn Tyr Gly Val Asp Val Thr Leu Ile
                          190                     195                     200
gag ttc atg gac cgc gtt ctg ccg aac gag gat cca gag gtg tcc aag   1456
Glu Phe Met Asp Arg Val Leu Pro Asn Glu Asp Pro Glu Val Ser Lys
                          205                     210                     215
gtt atc gcc aag gcc tac aag aag atg ggc atc aag ctc ctc ccg ggc   1504
Val Ile Ala Lys Ala Tyr Lys Lys Met Gly Ile Lys Leu Leu Pro Gly
                220                     225                     230
cac gca acc acc gcg gtg cgc gac aat ggc gat tcc gtt gag gtc gat   1552
```

```
      His Ala Thr Thr Ala Val Arg Asp Asn Gly Asp Ser Val Glu Val Asp
          235                 240                 245

tac cag aag aag ggc tcg gac aag acc gag acc atc acc gtc gac cgt      1600
Tyr Gln Lys Lys Gly Ser Asp Lys Thr Glu Thr Ile Thr Val Asp Arg
    250                 255                 260                 265

gtt ctt atc tcc gtc ggc ttc cgc cca cgc gtc gag ggc ttc ggc ctg      1648
Val Leu Ile Ser Val Gly Phe Arg Pro Arg Val Glu Gly Phe Gly Leu
                    270                 275                 280

gag aac acc ggc gtc aag ctc acc gaa cgc ggt gcc atc gac att gat      1696
Glu Asn Thr Gly Val Lys Leu Thr Glu Arg Gly Ala Ile Asp Ile Asp
                285                 290                 295

gag cat atg cgc acc aac gtc gac ggc atc tac gcc atc ggt gac gtc      1744
Glu His Met Arg Thr Asn Val Asp Gly Ile Tyr Ala Ile Gly Asp Val
            300                 305                 310

acc gcc aag ctg cag ctg gca cac gtc gcc gag gca cag ggc att gtc      1792
Thr Ala Lys Leu Gln Leu Ala His Val Ala Glu Ala Gln Gly Ile Val
    315                 320                 325

gcc gcc gag aca ctc gcc ggc gca gaa acc cag acc ctg ggc gac tac      1840
Ala Ala Glu Thr Leu Ala Gly Ala Glu Thr Gln Thr Leu Gly Asp Tyr
330                 335                 340                 345

atg atg atg ccg cgt gcc acc ttc tgc aac cca cag gtt gcc tcc ttc      1888
Met Met Met Pro Arg Ala Thr Phe Cys Asn Pro Gln Val Ala Ser Phe
                350                 355                 360

ggt tac acc gag gag cag gcc aag gag aag tgg ccg gat cga gag atc      1936
Gly Tyr Thr Glu Glu Gln Ala Lys Glu Lys Trp Pro Asp Arg Glu Ile
                365                 370                 375

aag gtg tcc tcc ttc ccg ttc tcc gcg aac ggc aag gcc gtc ggc ctg      1984
Lys Val Ser Ser Phe Pro Phe Ser Ala Asn Gly Lys Ala Val Gly Leu
            380                 385                 390
```

```
gct gag acc gat ggt ttc gcc aag atc gtc gcc gac gct gag ttc ggt        2032
Ala Glu Thr Asp Gly Phe Ala Lys Ile Val Ala Asp Ala Glu Phe Gly
        395             400             405

gaa ctg ctg ggt ggc cac att gtc ggt gcc aac gcc tcc gag ctg ctc        2080
Glu Leu Leu Gly Gly His Ile Val Gly Ala Asn Ala Ser Glu Leu Leu
    410             415                     420                 425

aac gag ctg gtg ctg gcc cag aac tgg gat ctc acc acc gag gag atc        2128
Asn Glu Leu Val Leu Ala Gln Asn Trp Asp Leu Thr Thr Glu Glu Ile
                430             435             440

agc cgc agc gtc cac atc cac ccg acc ctg tcg gag gct gtc aag gaa        2176
Ser Arg Ser Val His Ile His Pro Thr Leu Ser Glu Ala Val Lys Glu
            445             450             455

gct gcc cac ggc gtc aac ggc cac atg atc aac ttc taaatcccgt            2222
Ala Ala His Gly Val Asn Gly His Met Ile Asn Phe
        460             465

cagacaaatg caaatcccct caccgatggc atatcggtga ggggattttc tcatgcacgt    2282

aaaatcataa tccatggcaa ggaaagtcga caacagcgcc                          2322
```

[0098]

<210> 32

<211> 469

<212> PRT

<213> Corynebacterium thermoaminogenes

<400> 32

```
Val Thr Glu His Tyr Asp Val Val Val Leu Gly Ala Gly Pro Gly Gly
1               5               10              15

Tyr Val Ser Ala Ile Arg Ala Ala Gln Leu Gly Lys Lys Val Ala Val
        20              25              30

Ile Glu Lys Gln Tyr Trp Gly Gly Val Cys Leu Asn Val Gly Cys Ile
```

　　　　　　35　　　　　　　　　　　　40　　　　　　　　　　　　45

Pro Ser Lys Ala Leu Ile Lys Asn Ala Glu Ile Ala His Ile Phe Asn

　　　　　　50　　　　　　　　　　　　55　　　　　　　　　　　　60

His Glu Lys Lys Thr Phe Gly Ile Asn Gly Glu Val Thr Phe Asn Tyr

　　65　　　　　　　　　　　　70　　　　　　　　　　　　75　　　　　　　　　　　　80

Glu Asp Ala His Lys Arg Ser Arg Gly Val Ser Asp Lys Ile Val Gly

　　　　　　　　　　　　85　　　　　　　　　　　　90　　　　　　　　　　　　95

Gly Val His Tyr Leu Met Lys Lys Asn Lys Ile Thr Glu Ile Asp Gly

　　　　　　　　　　　100　　　　　　　　　　　105　　　　　　　　　　　110

Phe Gly Thr Phe Lys Asp Ala Lys Thr Ile Glu Val Thr Asp Gly Lys

　　　　　　　　　　　115　　　　　　　　　　　120　　　　　　　　　　　125

Asp Ala Gly Lys Thr Val Thr Phe Asp Asp Cys Ile Ile Ala Thr Gly

　　　　　　　130　　　　　　　　　　　135　　　　　　　　　　　140

Ser Val Val Asn Ser Leu Arg Gly Val Glu Phe Ser Glu Asn Val Val

145　　　　　　　　　　　150　　　　　　　　　　　155　　　　　　　　　　　160

Ser Tyr Glu Glu Gln Ile Leu Asn Pro Val Ala Pro Lys Lys Met Val

　　　　　　　　　　　165　　　　　　　　　　　170　　　　　　　　　　　175

Ile Val Gly Gly Gly Ala Ile Gly Met Glu Phe Ala Tyr Val Leu Gly

　　　　　　　180　　　　　　　　　　　185　　　　　　　　　　　190

Asn Tyr Gly Val Asp Val Thr Leu Ile Glu Phe Met Asp Arg Val Leu

　　　　　　　195　　　　　　　　　　　200　　　　　　　　　　　205

Pro Asn Glu Asp Pro Glu Val Ser Lys Val Ile Ala Lys Ala Tyr Lys

　210　　　　　　　　　　　215　　　　　　　　　　220

Lys Met Gly Ile Lys Leu Leu Pro Gly His Ala Thr Thr Ala Val Arg

225　　　　　　　　　　　230　　　　　　　　　　235　　　　　　　　　　　240

Asp Asn Gly Asp Ser Val Glu Val Asp Tyr Gln Lys Lys Gly Ser Asp

　　　　　　　245　　　　　　　　　　　250　　　　　　　　　　　255

Lys Thr Glu Thr Ile Thr Val Asp Arg Val Leu Il Ser Val Gly Phe

　　　　　　　260　　　　　　　　　　　265　　　　　　　　　　　270

```
Arg Pro Arg Val Glu Gly Phe Gly Leu Glu Asn Thr Gly Val Lys Leu
        275                 280                 285
Thr Glu Arg Gly Ala Ile Asp Ile Asp Glu His Met Arg Thr Asn Val
        290                 295                 300
Asp Gly Ile Tyr Ala Ile Gly Asp Val Thr Ala Lys Leu Gln Leu Ala
305                 310                 315                 320
His Val Ala Glu Ala Gln Gly Ile Val Ala Ala Glu Thr Leu Ala Gly
                325                 330                 335
Ala Glu Thr Gln Thr Leu Gly Asp Tyr Met Met Met Pro Arg Ala Thr
        340                 345                 350
Phe Cys Asn Pro Gln Val Ala Ser Phe Gly Tyr Thr Glu Glu Gln Ala
        355                 360                 365
Lys Glu Lys Trp Pro Asp Arg Glu Ile Lys Val Ser Ser Phe Pro Phe
        370                 375                 380
Ser Ala Asn Gly Lys Ala Val Gly Leu Ala Glu Thr Asp Gly Phe Ala
385                 390                 395                 400
Lys Ile Val Ala Asp Ala Glu Phe Gly Glu Leu Leu Gly Gly His Ile
                405                 410                 415
Val Gly Ala Asn Ala Ser Glu Leu Leu Asn Glu Leu Val Leu Ala Gln
                420                 425                 430
Asn Trp Asp Leu Thr Thr Glu Glu Ile Ser Arg Ser Val His Ile His
        435                 440                 445
Pro Thr Leu Ser Glu Ala Val Lys Glu Ala Ala His Gly Val Asn Gly
        450                 455                 460
His Met Ile Asn Phe
465
```

【0099】

<210> 33

<211> 4096

<212> DNA

<213> Corynebacterium thermoaminogenes

<220>

<221> CDS

<222> (250)..(3951)

<400> 33

```
ccggatcatc gtggttgacg ggggacgtat catcgaggat ggttcccacg atgaacttct 60

gggagcgaat ggaacctacg caacaatgtg gcatttagta gggtgacagg atattttagg 120

aaagacttgt taccaaaagg tgctaatact ggggtgctag gtccccgcga ccggaaccag 180

cgttacagtg ataaaataa agcccattta gaaccctcaa caagcaagga aaagaggcga 240
```

```
gtacctgcc gtg agc agc gct agt act ttc ggc cag aac gcg tgg ctg gtg 291
          Val Ser Ser Ala Ser Thr Phe Gly Gln Asn Ala Trp Leu Val
           1               5                   10

gat gag atg ttc cag cag ttc aag aag gac ccc cag tcc gtg gac aag  339
Asp Glu Met Phe Gln Gln Phe Lys Lys Asp Pro Gln Ser Val Asp Lys
 15              20                  25                  30

gaa tgg aga gag ctc ttc gag tct cag ggg ggt ccc cag gct gaa aag  387
Glu Trp Arg Glu Leu Phe Glu Ser Gln Gly Gly Pro Gln Ala Glu Lys
                35                  40                  45

gct acc ccc gcc acc ccc gaa gcc aag aag gca gct tcg tcg cag tcc  435
Ala Thr Pro Ala Thr Pro Glu Ala Lys Lys Ala Ala Ser Ser Gln Ser
                50                  55                  60

tca act tcc gga cag tcc acc gcc aag gct gcc cct gcc gcc aag acc  483
Ser Thr Ser Gly Gln Ser Thr Ala Lys Ala Ala Pro Ala Ala Lys Thr
                65                  70                  75

gca ccg gcc tct gcg cca gcc aag gct gcc cct gtt aag caa aac cag  531
Ala Pr Ala Ser Ala Pr Ala Lys Ala Ala Pr Val Lys Gln Asn Gln
```

```
            80                      85                      90
gcg tcc aag cct gcc aag aag gcc aag gag tcc ccc ctg tcc aag cca   579
Ala Ser Lys Pro Ala Lys Lys Ala Lys Glu Ser Pro Leu Ser Lys Pro
        95                     100                     105                     110
gct gcc atg cct gag ccg gga acc acc cca ctc agg ggc atc ttc aag   627
Ala Ala Met Pro Glu Pro Gly Thr Thr Pro Leu Arg Gly Ile Phe Lys
                        115                     120                     125
tcc atc gcc aag aac atg gac ctc tcc ctc gag gtg ccc acc gcc acc   675
Ser Ile Ala Lys Asn Met Asp Leu Ser Leu Glu Val Pro Thr Ala Thr
                        130                     135                     140
tcc gtc cgc gac atg ccc gcg cgc ctc atg ttc gag aac cgc gcc atg   723
Ser Val Arg Asp Met Pro Ala Arg Leu Met Phe Glu Asn Arg Ala Met
                145                     150                     155
gtc aac gac cag ctc aag cgc acc cgt ggc ggc aag atc tcc ttc acc   771
Val Asn Asp Gln Leu Lys Arg Thr Arg Gly Gly Lys Ile Ser Phe Thr
        160                     165                     170
cac atc atc ggc tac gcc atg gtg aag gct gtc atg gca cac ccg gac   819
His Ile Ile Gly Tyr Ala Met Val Lys Ala Val Met Ala His Pro Asp
175                     180                     185                     190
atg aac aac tcc tat gac atc gtc gac ggc aag ccg tcc ctg gtc gtc   867
Met Asn Asn Ser Tyr Asp Ile Val Asp Gly Lys Pro Ser Leu Val Val
                195                     200                     205
ccg gag cac atc aac ctc ggc ctg gcc atc gac ctc ccc cag aag gac   915
Pro Glu His Ile Asn Leu Gly Leu Ala Ile Asp Leu Pro Gln Lys Asp
                210                     215                     220
ggc tcc cgt gcc ctc gtg gtc gcc gcc atc aag gaa acc gag aag atg   963
Gly Ser Arg Ala Leu Val Val Ala Ala Ile Lys Glu Thr Glu Lys Met
        225                     230                     235
acc ttc tcc cag ttc ctg gag gcc tat gag gac gtt gtg gca cgc tcc   1011
```

Thr Phe Ser Gln Phe Leu Glu Ala Tyr Glu Asp Val Val Ala Arg Ser
    240   245   250

cgc gtc ggc aag ctc acc atg gat gac tac cag ggt gtc acc atc tcc   1059
Arg Val Gly Lys Leu Thr Met Asp Asp Tyr Gln Gly Val Thr Ile Ser
    255   260   265   270

ttg acc aac ccg ggt ggc atc ggt acc cgc cac tcc atc ccg cgt ctg   1107
Leu Thr Asn Pro Gly Gly Ile Gly Thr Arg His Ser Ile Pro Arg Leu
                    275   280   285

acc aag ggc cag ggc acc atc atc ggt gtc ggt tcc atg gac tac ccg   1155
Thr Lys Gly Gln Gly Thr Ile Ile Gly Val Gly Ser Met Asp Tyr Pro
                    290   295   300

gcc gag ttc cag ggt gcc tcc gag gac cgt ctc gcc gag ctc ggt gtg   1203
Ala Glu Phe Gln Gly Ala Ser Glu Asp Arg Leu Ala Glu Leu Gly Val
        305   310   315

ggc aag ctc gtc acc atc acc tcc acc tac gat cac cgc gtc atc cag   1251
Gly Lys Leu Val Thr Ile Thr Ser Thr Tyr Asp His Arg Val Ile Gln
        320   325   330

ggc gcg gaa tcc ggt gag ttc ctg cgc acc atg tcc cag ctg ctc gtg   1299
Gly Ala Glu Ser Gly Glu Phe Leu Arg Thr Met Ser Gln Leu Leu Val
335   340   345   350

gac gat gcg ttc tgg gat cac atc ttc gag gag atg aac gtt ccc tac   1347
Asp Asp Ala Phe Trp Asp His Ile Phe Glu Glu Met Asn Val Pro Tyr
                    355   360   365

acc ccg atg cgc tgg gca cag gac ctg ccc aac acc ggt gtg gac aag   1395
Thr Pro Met Arg Trp Ala Gln Asp Leu Pro Asn Thr Gly Val Asp Lys
                    370   375   380

aac acc cgt gtc atg cag ctc atc gag gcc tac cgc tcc cgc ggt cac   1443
Asn Thr Arg Val Met Gln Leu Ile Glu Ala Tyr Arg S r Arg Gly His
        385   390   395

```
ctc atc gcc gac acc aac cca ctg ccc tgg gtc cag ccc ggc atg ccc    1491
Leu Ile Ala Asp Thr Asn Pro Leu Pro Trp Val Gln Pro Gly Met Pro
    400             405             410

gtc ccg gat cac cgt gac ctc gac atc gag acc cac ggc ctg acc ctg    1539
Val Pro Asp His Arg Asp Leu Asp Ile Glu Thr His Gly Leu Thr Leu
415             420             425             430

tgg gat ctg gac cgt acc ttc cac gtc ggt ggt ttc ggt ggc aag gag    1587
Trp Asp Leu Asp Arg Thr Phe His Val Gly Gly Phe Gly Gly Lys Glu
                435             440             445

acc atg acc ctg cgc gag gtg ctc agc cgc ctc cgc gcc gcc tac acc    1635
Thr Met Thr Leu Arg Glu Val Leu Ser Arg Leu Arg Ala Ala Tyr Thr
            450             455             460

ctc aag gtc ggc tcc gag tac acc cac atc ctc gac cgc gat gag cgc    1683
Leu Lys Val Gly Ser Glu Tyr Thr His Ile Leu Asp Arg Asp Glu Arg
            465             470             475

acc tgg ctg cag gac cgc ctc gag gcc ggt atg ccc aag ccc acc gcc    1731
Thr Trp Leu Gln Asp Arg Leu Glu Ala Gly Met Pro Lys Pro Thr Ala
    480             485             490

gcc gag cag aag tac atc ctg cag aag ctc aac gcc gcc gag gca ttc    1779
Ala Glu Gln Lys Tyr Ile Leu Gln Lys Leu Asn Ala Ala Glu Ala Phe
495             500             505             510

gag aac ttc ctg cag acc aag tac gtc ggc cag aag cgt ttc tcc ctc    1827
Glu Asn Phe Leu Gln Thr Lys Tyr Val Gly Gln Lys Arg Phe Ser Leu
                515             520             525

gag ggt gcc gag tca ctg atc ccg ctg atg gac tcc gcc atc gac acc    1875
Glu Gly Ala Glu Ser Leu Ile Pro Leu Met Asp Ser Ala Ile Asp Thr
                530             535             540

gcc gca ggc cag ggc ctt gac gag gtc gtc atc ggc atg ccc cac cgt    1923
Ala Ala Gly Gln Gly Leu Asp Glu Val Val Ile Gly Met Pr  His Arg
```

```
             545                   550                   555
ggt cgc ctc aac gtg ctg ttc aac atc gtc ggc aag cca ctg gcc tcg   1971
Gly Arg Leu Asn Val Leu Phe Asn Ile Val Gly Lys Pro Leu Ala Ser
          560                   565                   570
atc ttc aac gag ttc gag ggc cag atg gag cag ggc cag atc ggt ggc   2019
-Ile-Phe-Asn-Glu Phe-Glu Gly-Gln-Met-Glu-Gln-Gly-Gln-Ile Gly Gly
575                   580                   585                   590
tcc ggt gac gtg aag tac cac ctc ggt tcc gag ggc acc cac ctg cag   2067
Ser Gly Asp Val Lys Tyr His Leu Gly Ser Glu Gly Thr His Leu Gln
                   595                   600                   605
atg ttc ggc gac ggc gag atc aag gtc tcc ctc acc gcc aac ccc tcc   2115
Met Phe Gly Asp Gly Glu Ile Lys Val Ser Leu Thr Ala Asn Pro Ser
                   610                   615                   620
cac ctc gag gcc gtc aac ccg gtc gtg gag ggc atc gtc cgc gcc aag   2163
His Leu Glu Ala Val Asn Pro Val Val Glu Gly Ile Val Arg Ala Lys
                   625                   630                   635
cag gac atc ctg gac aag ggc ccg gac ggc tac acc gtc gtc ccg ctg   2211
Gln Asp Ile Leu Asp Lys Gly Pro Asp Gly Tyr Thr Val Val Pro Leu
                   640                   645                   650
ctg ctc cac ggt gac gcc gcc ttc gcc ggc ctg ggc atc gtg ccc gag   2259
Leu Leu His Gly Asp Ala Ala Phe Ala Gly Leu Gly Ile Val Pro Glu
655                   660                   665                   670
acc atc aac ctc gca gcc ctg cgt ggt tac gat gtc ggt ggc acc atc   2307
Thr Ile Asn Leu Ala Ala Leu Arg Gly Tyr Asp Val Gly Gly Thr Ile
                   675                   680                   685
cac atc gtg gtc aac aac cag atc ggc ttc acc acc acc ccg gac tcc   2355
His Ile Val Val Asn Asn Gln Ile Gly Phe Thr Thr Thr Pro Asp Ser
                   690                   695                   700
agc cgt tcc atg cac tac gcc acc gac tgc gcc aag gcc ttc ggt tgc   2403
```

```
      Ser Arg Ser Met His Tyr Ala Thr Asp Cys Ala Lys Ala Phe Gly Cys
              705             710             715

      ccg gtg ttc cac gtc aac ggt gac gac ccc gag gct gtg gtc tgg gtc      2451
      Pro Val Phe His Val Asn Gly Asp Asp Pro Glu Ala Val Val Trp Val
              720             725             730

      ggc cag ctg gcc acc gag tac cgt cgc cgc ttc ggc aag gat gtc ttc      2499
      Gly Gln Leu Ala Thr Glu Tyr Arg Arg Arg Phe Gly Lys Asp Val Phe
      735             740             745             750

      atc gac ctc atc tgc tac cgc ctg cgc ggc cac aac gag gct gat gac      2547
      Ile Asp Leu Ile Cys Tyr Arg Leu Arg Gly His Asn Glu Ala Asp Asp
                      755             760             765

      cca tcc atg acc cag ccg aag atg tac gag ctg atc acc ggc cgc gac      2595
      Pro Ser Met Thr Gln Pro Lys Met Tyr Glu Leu Ile Thr Gly Arg Asp
                      770             775             780

      tcc gtg cgt gcc acc tac acc gag gac ctc ctc ggc cgt ggt gac ctc      2643
      Ser Val Arg Ala Thr Tyr Thr Glu Asp Leu Leu Gly Arg Gly Asp Leu
              785             790             795

      tcc ccc gag gac gcc gag gcc gtt gtc cgc gac ttc cac gac cag atg      2691
      Ser Pro Glu Asp Ala Glu Ala Val Val Arg Asp Phe His Asp Gln Met
              800             805             810

      gaa tcc gtg ttc aac gag gtc aag gaa gcc ggc aag aag cag cct gat      2739
      Glu Ser Val Phe Asn Glu Val Lys Glu Ala Gly Lys Lys Gln Pro Asp
      815             820             825             830

      gag cag acc ggc atc acc ggt tcc cag gaa ctg acc cgt ggc ctg gac      2787
      Glu Gln Thr Gly Ile Thr Gly Ser Gln Glu Leu Thr Arg Gly Leu Asp
                      835             840             845

      acc aac atc acc cgc gag gaa ctg gtc gaa ctc ggc cag gcc ttc gtc      2835
      Thr Asn Ile Thr Arg Glu Glu Leu Val Glu Leu Gly Gln Ala Phe Val
                      850             855             860
```

aac acc cca gag ggc ttc acc tac cac cca cgt gtg gca ccg gtg gcc   2883
Asn Thr Pro Glu Gly Phe Thr Tyr His Pro Arg Val Ala Pro Val Ala
        865   870   875

aag aag cgt gcc gag tcc gtc acc gag ggt ggc atc gac tgg gca tgg   2931
Lys Lys Arg Ala Glu Ser Val Thr Glu Gly Gly Ile Asp Trp Ala Trp
        880   885   890

ggc gag ctc atc gcc ttc ggc tcc ctg gcc acc tcc ggc agg ctg gtc   2979
Gly Glu Leu Ile Ala Phe Gly Ser Leu Ala Thr Ser Gly Arg Leu Val
895   900   905   910

cgc ctc gcc ggt gag gat tcc cgc cgt ggt acc ttc acc cag cgt cac   3027
Arg Leu Ala Gly Glu Asp Ser Arg Arg Gly Thr Phe Thr Gln Arg His
        915   920   925

gcc gtg gcc atc gac ccg aac acc gcc gag gag ttc aac ccg ctc cac   3075
Ala Val Ala Ile Asp Pro Asn Thr Ala Glu Glu Phe Asn Pro Leu His
        930   935   940

gag ctg gca cag gcc aag ggc ggc ggc aag ttc ctc gtc tac aac tcc   3123
Glu Leu Ala Gln Ala Lys Gly Gly Gly Lys Phe Leu Val Tyr Asn Ser
        945   950   955

gcg ctg acc gag tac gcg ggt atg ggc ttc gaa tac ggc tac tcc gtg   3171
Ala Leu Thr Glu Tyr Ala Gly Met Gly Phe Glu Tyr Gly Tyr Ser Val
        960   965   970

ggc aac ccg gac gcc gtg gtg tcc tgg gag gca cag ttc ggt gac ttc   3219
Gly Asn Pro Asp Ala Val Val Ser Trp Glu Ala Gln Phe Gly Asp Phe
975   980   985   990

gcc aac ggt gca cag acc atc atc gat gag tac atc tcc tcc ggt gag   3267
Ala Asn Gly Ala Gln Thr Ile Ile Asp Glu Tyr Ile Ser Ser Gly Glu
        995   1000   1005

gcc aag tgg ggc cag acc tcc tcg gtc atc ctg ctg ctg ccc cac ggt   3315
Ala Lys Trp Gly Gln Thr Ser Ser Val Ile Leu Leu Leu Pro His Gly

```
                1010                    1015                    1020
tac gag ggc cag ggt ccg gac cac tcc tcc gca cgc atc gag cgt ttc    3363
Tyr Glu Gly Gln Gly Pro Asp His Ser Ser Ala Arg Ile Glu Arg Phe
           1025                    1030                    1035
ctg cag ctg tgc gcc gag ggt tcc atg acc atc gcc cag ccg acc acc    3411
Leu Gln Leu Cys Ala Glu Gly Ser Met Thr Ile Ala Gln Pro Thr Thr
      1040                    1045                    1050
ccg gcg aac tac ttc cac ctg ctg cgt cgt cac gca ctg ggc aag atg    3459
Pro Ala Asn Tyr Phe His Leu Leu Arg Arg His Ala Leu Gly Lys Met
 1055                    1060                    1065                    1070
aag cgc ccg ctg gtc gtc ttc acc ccg aag tcc atg ctg cgc aac aag    3507
Lys Arg Pro Leu Val Val Phe Thr Pro Lys Ser Met Leu Arg Asn Lys
                1075                    1080                    1085
gcc gcc acc tcc gct ccg gag gag ttc acc gag gtc acc cgc ttc aag    3555
Ala Ala Thr Ser Ala Pro Glu Glu Phe Thr Glu Val Thr Arg Phe Lys
           1090                    1095                    1100
tcc gtg atc gac gat ccg aac gtg gcg gat gcc tcc aag gtg aag aag    3603
Ser Val Ile Asp Asp Pro Asn Val Ala Asp Ala Ser Lys Val Lys Lys
           1105                    1110                    1115
atc atg ctg tgc tcc ggc aag atc tac tac gaa ctg gcc aag cgc aag    3651
Ile Met Leu Cys Ser Gly Lys Ile Tyr Tyr Glu Leu Ala Lys Arg Lys
      1120                    1125                    1130
gag aag gac aac cgc gac gac atc gcg atc gtg cgc atc gag atg ctg    3699
Glu Lys Asp Asn Arg Asp Asp Ile Ala Ile Val Arg Ile Glu Met Leu
 1135                    1140                    1145                    1150
cac ccg atc ccg ttc aac cgt ctg cgc gac gcc ttc gac ggc tac ccc    3747
His Pr  Ile Pr  Phe Asn Arg Leu Arg Asp Ala Phe Asp Gly Tyr Pr
                1155                    1160                    1165
aac gcc gag gag atc ctg ttc gtt cag gac gag ccg gca aac cag ggt    3795
```

Asn Ala Glu Glu Ile Leu Phe Val Gln Asp Glu Pro Ala Asn Gln Gly

      1170   1175   1180

gcc tgg ccg ttc tac cag gag cac ctg ccc aac ctc atc gag ggc atg   3843

Ala Trp Pro Phe Tyr Gln Glu His Leu Pro Asn Leu Ile Glu Gly Met

      1185   1190   1195

ctc ccg atg cgt cgc atc tcg cgc cgt tcc cag tcc tcg act gcg acc   3891

Leu Pro Met Arg Arg Ile Ser Arg Arg Ser Gln Ser Ser Thr Ala Thr

      1200   1205   1210

ggt atc gcg aag gtg cac acc atc gag cag cag aag ctg ctg gat gat   3939

Gly Ile Ala Lys Val His Thr Ile Glu Gln Gln Lys Leu Leu Asp Asp

1215   1220   1225   1230

gcg ttc aac gca taaacgttaa tacagcggtt gataccttga accccgccgc   3991

Ala Phe Asn Ala

acccttttaga tgcgggcggg gttttgcttt gcctgcatag gcgataatat tcatatacac 4051

ccatcacgtt taagttctgc atttggatcg tgcgagcatc ccggt   4096

【０１００】

<210> 34

<211> 1234

<212> PRT

<213> Corynebacterium thermoaminogenes

<400> 34

Val Ser Ser Ala Ser Thr Phe Gly Gln Asn Ala Trp Leu Val Asp Glu

1   5   10   15

Met Phe Gln Gln Phe Lys Lys Asp Pro Gln Ser Val Asp Lys Glu Trp

      20   25   30

Arg Glu Leu Phe Glu Ser Gln Gly Gly Pr Gln Ala Glu Lys Ala Thr

      35   40   45

Pr Ala Thr Pro Glu Ala Lys Lys Ala Ala Ser Ser Gln Ser Ser Thr

```
            50                 55                 60
Ser Gly Gln Ser Thr Ala Lys Ala Ala Pro Ala Ala Lys Thr Ala Pro
    65                 70                 75                 80
Ala Ser Ala Pro Ala Lys Ala Ala Pro Val Lys Gln Asn Gln Ala Ser
                85                 90                 95
Lys Pro Ala Lys Lys Ala Lys Glu Ser Pro Leu Ser Lys Pro Ala Ala
                100                105                110
Met Pro Glu Pro Gly Thr Thr Pro Leu Arg Gly Ile Phe Lys Ser Ile
                115                120                125
Ala Lys Asn Met Asp Leu Ser Leu Glu Val Pro Thr Ala Thr Ser Val
    130                135                140
Arg Asp Met Pro Ala Arg Leu Met Phe Glu Asn Arg Ala Met Val Asn
145                150                155                160
Asp Gln Leu Lys Arg Thr Arg Gly Gly Lys Ile Ser Phe Thr His Ile
                165                170                175
Ile Gly Tyr Ala Met Val Lys Ala Val Met Ala His Pro Asp Met Asn
                180                185                190
Asn Ser Tyr Asp Ile Val Asp Gly Lys Pro Ser Leu Val Val Pro Glu
                195                200                205
His Ile Asn Leu Gly Leu Ala Ile Asp Leu Pro Gln Lys Asp Gly Ser
    210                215                220
Arg Ala Leu Val Val Ala Ala Ile Lys Glu Thr Glu Lys Met Thr Phe
225                230                235                240
Ser Gln Phe Leu Glu Ala Tyr Glu Asp Val Val Ala Arg Ser Arg Val
                245                250                255
Gly Lys Leu Thr Met Asp Asp Tyr Gln Gly Val Thr Ile Ser Leu Thr
                260                265                270
Asn Pr Gly Gly Ile Gly Thr Arg His Ser Ile Pro Arg Leu Thr Lys
    275                280                285
```

Gly Gln Gly Thr Ile Ile Gly Val Gly S r Met Asp Tyr Pro Ala Glu
    290   295   300

Phe Gln Gly Ala Ser Glu Asp Arg Leu Ala Glu Leu Gly Val Gly Lys
305   310   315   320

Leu Val Thr Ile Thr Ser Thr Tyr Asp His Arg Val Ile Gln Gly Ala
               325   330   335

Glu Ser Gly Glu Phe Leu Arg Thr Met Ser Gln Leu Leu Val Asp Asp
            340   345   350

Ala Phe Trp Asp His Ile Phe Glu Glu Met Asn Val Pro Tyr Thr Pro
        355   360   365

Met Arg Trp Ala Gln Asp Leu Pro Asn Thr Gly Val Asp Lys Asn Thr
    370   375   380

Arg Val Met Gln Leu Ile Glu Ala Tyr Arg Ser Arg Gly His Leu Ile
385   390   395   400

Ala Asp Thr Asn Pro Leu Pro Trp Val Gln Pro Gly Met Pro Val Pro
            405   410   415

Asp His Arg Asp Leu Asp Ile Glu Thr His Gly Leu Thr Leu Trp Asp
        420   425   430

Leu Asp Arg Thr Phe His Val Gly Gly Phe Gly Gly Lys Glu Thr Met
    435   440   445

Thr Leu Arg Glu Val Leu Ser Arg Leu Arg Ala Ala Tyr Thr Leu Lys
    450   455   460

Val Gly Ser Glu Tyr Thr His Ile Leu Asp Arg Asp Glu Arg Thr Trp
465   470   475   480

Leu Gln Asp Arg Leu Glu Ala Gly Met Pro Lys Pro Thr Ala Ala Glu
            485   490   495

Gln Lys Tyr Ile Leu Gln Lys Leu Asn Ala Ala Glu Ala Phe Glu Asn
        500   505   510

Phe Leu Gln Thr Lys Tyr Val Gly Gln Lys Arg Phe Ser Leu Glu Gly

```
              515                    520                      525
Ala Glu Ser Leu Ile Pro Leu Met Asp Ser Ala Ile Asp Thr Ala Ala
              530                    535                      540
Gly Gln Gly Leu Asp Glu Val Val Ile Gly Met Pro His Arg Gly Arg
545                      550                      555              560
Leu Asn Val Leu Phe Asn Ile Val Gly Lys Pro Leu Ala Ser Ile Phe
                         565                      570              575
Asn Glu Phe Glu Gly Gln Met Glu Gln Gly Gln Ile Gly Gly Ser Gly
                         580                      585              590
Asp Val Lys Tyr His Leu Gly Ser Glu Gly Thr His Leu Gln Met Phe
                         595                      600              605
Gly Asp Gly Glu Ile Lys Val Ser Leu Thr Ala Asn Pro Ser His Leu
              610                    615                      620
Glu Ala Val Asn Pro Val Val Glu Gly Ile Val Arg Ala Lys Gln Asp
625                      630                      635              640
Ile Leu Asp Lys Gly Pro Asp Gly Tyr Thr Val Val Pro Leu Leu Leu
                         645                      650              655
His Gly Asp Ala Ala Phe Ala Gly Leu Gly Ile Val Pro Glu Thr Ile
                         660                      665              670
Asn Leu Ala Ala Leu Arg Gly Tyr Asp Val Gly Gly Thr Ile His Ile
                         675                      680              685
Val Val Asn Asn Gln Ile Gly Phe Thr Thr Thr Pro Asp Ser Ser Arg
              690                    695                      700
Ser Met His Tyr Ala Thr Asp Cys Ala Lys Ala Phe Gly Cys Pro Val
705                      710                      715              720
Phe His Val Asn Gly Asp Asp Pr  Glu Ala Val Val Trp Val Gly Gln
                         725                      730              735
Leu Ala Thr Glu Tyr Arg Arg Arg Phe Gly Lys Asp Val Phe Ile Asp
              740                    745                      750
```

Leu Ile Cys Tyr Arg Leu Arg Gly His Asn Glu Ala Asp Asp Pro Ser
     755   760   765

Met Thr Gln Pro Lys Met Tyr Glu Leu Ile Thr Gly Arg Asp Ser Val
     770   775   780

Arg Ala Thr Tyr Thr Glu Asp Leu Leu Gly Arg Gly Asp Leu Ser Pro
785   790   795   800

Glu Asp Ala Glu Ala Val Val Arg Asp Phe His Asp Gln Met Glu Ser
         805   810   815

Val Phe Asn Glu Val Lys Glu Ala Gly Lys Lys Gln Pro Asp Glu Gln
     820   825   830

Thr Gly Ile Thr Gly Ser Gln Glu Leu Thr Arg Gly Leu Asp Thr Asn
     835   840   845

Ile Thr Arg Glu Glu Leu Val Glu Leu Gly Gln Ala Phe Val Asn Thr
    850   855   860

Pro Glu Gly Phe Thr Tyr His Pro Arg Val Ala Pro Val Ala Lys Lys
865   870   875   880

Arg Ala Glu Ser Val Thr Glu Gly Gly Ile Asp Trp Ala Trp Gly Glu
     885   890   895

Leu Ile Ala Phe Gly Ser Leu Ala Thr Ser Gly Arg Leu Val Arg Leu
     900   905   910

Ala Gly Glu Asp Ser Arg Arg Gly Thr Phe Thr Gln Arg His Ala Val
     915   920   925

Ala Ile Asp Pro Asn Thr Ala Glu Glu Phe Asn Pro Leu His Glu Leu
     930   935   940

Ala Gln Ala Lys Gly Gly Gly Lys Phe Leu Val Tyr Asn Ser Ala Leu
945   950   955   960

Thr Glu Tyr Ala Gly Met Gly Phe Glu Tyr Gly Tyr Ser Val Gly Asn
     965   970   975

Pro Asp Ala Val Val Ser Trp Glu Ala Gln Phe Gly Asp Phe Ala Asn

                980   985   990
Gly Ala Gln Thr Ile Ile Asp Glu Tyr Ile Ser Ser Gly Glu Ala Lys

                995   1000   1005
Trp Gly Gln Thr Ser Ser Val Ile Leu Leu Leu Pro His Gly Tyr Glu

        1010   1015   1020
Gly Gln Gly Pro Asp His Ser Ser Ala Arg Ile Glu Arg Phe Leu Gln

        025   1030   1035   1040
Leu Cys Ala Glu Gly Ser Met Thr Ile Ala Gln Pro Thr Thr Pro Ala

                1045   1050   1055
Asn Tyr Phe His Leu Leu Arg Arg His Ala Leu Gly Lys Met Lys Arg

                1060   1065   1070
Pro Leu Val Val Phe Thr Pro Lys Ser Met Leu Arg Asn Lys Ala Ala

                1075   1080   1085
Thr Ser Ala Pro Glu Glu Phe Thr Glu Val Thr Arg Phe Lys Ser Val

                1090   1095   1100
Ile Asp Asp Pro Asn Val Ala Asp Ala Ser Lys Val Lys Lys Ile Met

        105   1110   1115   1120
Leu Cys Ser Gly Lys Ile Tyr Tyr Glu Leu Ala Lys Arg Lys Glu Lys

                1125   1130   1135
Asp Asn Arg Asp Asp Ile Ala Ile Val Arg Ile Glu Met Leu His Pro

                1140   1145   1150
Ile Pro Phe Asn Arg Leu Arg Asp Ala Phe Asp Gly Tyr Pro Asn Ala

                1155   1160   1165
Glu Glu Ile Leu Phe Val Gln Asp Glu Pro Ala Asn Gln Gly Ala Trp

                1170   1175   1180
Pro Phe Tyr Gln Glu His Leu Pr Asn Leu Ile Glu Gly Met Leu Pr

        185   1190   1195   1200
Met Arg Arg Ile Ser Arg Arg Ser Gln Ser Ser Thr Ala Thr Gly Ile

                1205   1210   1215

Ala Lys Val His Thr Ile Glu Gln Gln Lys Leu Leu Asp Asp Ala Phe
                1220   1225   1230

Asn Ala

[0101]

<210> 35

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: primer for aceA

<400> 35

cctctacccca gcgaactccg   20

[0102]

<210> 36

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: primer for aceA

<400> 36

ctgccttgaa ctcacggttc   20

[0103]

<210> 37

<211> 20

<212> DNA

出証特2000−309361 3

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: primer for accBC

<400> 37

catccacccc ggctacggct   20

【0104】

<210> 38

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: primer for accBC

<400> 38

cggtgactgg gtgttccacc   20

【0105】

<210> 39

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: primer f r dtsR1

<400> 39

acggcccagc cctgaccgac   20

【０１０６】

<210> 40

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: primer for dtsR1

<400> 40

agcagcgccc atgacggcga   20

【０１０７】

<210> 41

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: primer for dtsR2

<400> 41

acggcccagc cctgaccgac   20

【０１０８】

<210> 42

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: primer for dtsR2

<400> 42

agcagcgccc atgacggcga   20

【０１０９】

<210> 43

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: primer for pfk

<400> 43

cgtcatccga ggaatcgtcc   20

【０１１０】

<210> 44

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: primer for pfk

<400> 44

cgtggcggcc catgacctcc   21

【０１１１】

<210> 45

<211> 17

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: primer for scrB

<220>

<221> UNSURE

<222> (3)

<223> n=a or g or c or t

<400> 45

ggncghytba aygaycc   17

【0112】

<210> 46

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: primer for scrB

<220>

<221> UNSURE

<222> (18)

<223> n=a or g or c or t

<400> 46

ggrcaytccc acatrtancc   20

出証特2000−3093613

【０１１３】

<210> 47

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: primer for gluABCD

<400> 47

ccatccggat ccggcaagtc   20

【０１１４】

<210> 48

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: primer for gluABCD

<400> 48

aatcccatct cgtgggtaac   20

【０１１５】

<210> 49

<211> 23

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

出証特２０００－３０９３６１３

<223> Description of Artificial Sequence: primer for pdhA

<400> 49

actgtgtcca tgggtcttgg ccc   23

【0116】

<210> 50

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: primer for pdhA

<400> 50

cgctggaatccgaacatcga   20

【0117】

<210> 51

<211> 26

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: primer for pc

<400> 51

ggcgcaacct acgacgttgc aatgcg   26

【0118】

<210> 52

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: primer for pc

<400> 52

tggccgcctg ggatctcgtg   20

【０１１９】

<210> 53

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: primer for ppc

<400> 53

ggttcctgga ttggtggaga   20

【０１２０】

<210> 54

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description f Artificial Sequence: primer f r ppc

<400> 54

ccgccatcct tgttggaatc   20

【０１２１】

<210> 55

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: primer for acn

<220>

<221> UNSURE

<222> (3,6,9)

<223> n=inosine

<400> 55

gtnggnacng aytcscatac   20

【０１２２】

<210> 56

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: primer for acn

<220>

<221> UNSURE

<222> (3,9,18)

出証特２０００－３０９３６１３

<223> n=inosine

<400> 56

gcnggagana tgtgrtcngt   20

【０１２３】

<210> 57

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: primer for icd

<400> 57

gacatttcac tcgctggacg   20

【０１２４】

<210> 58

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: primer for icd

<400> 58

ccgtactctt cagccttctg   20

【０１２５】

<210> 59

<211> 17

出証特２０００−３０９３６１

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: primer for lpd

<400> 59

atcatcgcaa ccggttc   17

【０１２６】

<210> 60

<211> 19

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: primer for lpd

<400> 60

cgtcaccgat ggcgtaaat   19

【０１２７】

<210> 61

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: primer for dhA

<400> 61

acaccgtggt cgcctcaacg   20

【0128】

<210> 62

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: primer for odhA

<400> 62

tgctaacccg tcccacctgg   20

【0129】

<210> 63

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: primer for

     screening PCR of lpd

<400> 63

tacgaggagc agatcctcaa   20

【0130】

<210> 64

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

出証特2000−3093613

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: primer for
     screening PCR of lpd

<400> 64

ttgacgccgg tgttctccag   20

【０１３１】

<210> 65

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: primer for
     LA cloning of acn

<400> 65

ggtgaagcta agtagttagc   20

【０１３２】

<210> 66

<211> 18

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Descripti n of Artificial Sequence: primer f r
     LA cloning of acn

<400> 66

agctactaaa cctgcacc   18

【0133】

<210> 67

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: primer for
     LA cloning of icd

<400> 67

ccgtactctt cagccttctg   67

【0134】

<210> 68

<211> 18

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: primer for
     LA cloning of icd

<400> 68

tcgtccttgt tccacatc   18

【0135】

<210> 69

<211> 17

出証特2000－3093613

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: primer for

   LA cloning of lpd

<400> 69

atcatcgcaa ccggttc   17

【0136】

<210> 70

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: primer for

   LA cloning of lpd

<400> 70

tacgaggagc agatcctcaa   20

【0137】

<210> 71

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Descripti n of Artificial Sequence: primer for

LA cloning of acn

<400> 71

gctaactact tagcttcacc   20

【0138】

<210> 72

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: primer for

    LA cloning of acn

<400> 72

gaaccaggaa ctattgaacc   20

【0139】

<210> 73

<211> 18

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: primer for

    LA cloning of icd

<400> 73

tccgatgtca tcatcgac   18

【0140】

出証特2000−3093613

<210> 74

<211> 18

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: primer for

LA cloning of icd

<400> 74

atgtggaaca aggacgac   18

【0141】

<210> 75

<211> 35

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: primer for

LA cloning of odhA

<400> 75

gtacatattg tcgttagaac gcgtaatacg actca   35

【0142】

<210> 76

<211> 35

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

出証特2000−3093613

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: primer for
     LA cloning of odhA

<400> 76

cgttagaacg cgtaatacga ctcactatag ggaga   35

出証特２０００－３０９３６１３

【書類名】　　　　　要約書

【要約】

　　【課題】コリネバクテリウム・サーモアミノゲネス由来のＬ－アミノ酸生合成系酵素、好ましくはコリネバクテリウム・グルタミカムよりも高い温度で機能する酵素をコードする遺伝子を提供する。

　　【解決手段】　　目的とする遺伝子に対応する種々の微生物の既知の遺伝子配列の間でアミノ酸レベルで保存されている領域に基づいて設計した複数組のプライマーとして、コリネバクテリウム・サーモアミノゲネスの染色体ＤＮＡを鋳型としてＰＣＲを行い、増幅断片が得られたプライマーをスクリーニング用プライマーに用いて、コリネバクテリウム・サーモアミノゲネスの染色体ＤＮＡのプラスミドライブラリーから、目的とするＤＮＡ断片を含むクローンを選択する。

　　【選択図】　　なし

出 願 人 履 歴 情 報

識別番号　　　　　　［０００００００６６］

1. 変更年月日　　１９９１年　７月　２日
　　［変更理由］　　住所変更
　　　　　　　住　所　　東京都中央区京橋１丁目１５番１号
　　　　　　　氏　名　　味の素株式会社

出証特２０００−３０９３６１３